



⑮ **BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND**



**DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT**

⑫ **Offenlegungsschrift**
⑩ **DE 198 17 557 A 1**

⑳ Aktenzeichen: 198 17 557.4
㉔ Anmeldetag: 9. 4. 98
㉕ Offenlegungstag: 21. 10. 99

⑤① Int. Cl.⁶:
C 07 K 16/00
C 07 K 14/435
A 61 K 38/17
C 07 H 21/04
C 12 N 15/11
C 12 N 15/63
C 12 N 1/21
C 12 N 1/19
C 12 N 5/10
// G01N 33/68,
33/15(C12N
1/21,C12R
1:19)

DE 198 17 557 A 1

⑦① Anmelder:
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

⑦④ Vertreter:
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505
Berlin

⑦② Erfinder:
Rosenthal, André, Prof. Dr., 10115 Berlin, DE;
Specht, Thomas, Dr., 12163 Berlin, DE; Hinzmann,
Bernd, Dr., 14197 Berlin, DE; Schmitt, Armin, Dr.,
14197 Berlin, DE; Pilarsky, Christian, Dr., 14532
Stahnsdorf, DE; Dahl, Edgar, Dr., 14480 Potsdam,
DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

- ⑤④ Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovarumorgewebe
⑤⑦ Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen -
mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Ovarumor-
gewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren,
und deren Verwendung beschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 17 557 A 1

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovartumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist das Ovarialkarzinom, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. **Fig. 1**, **Fig. 2a** und **Fig. 3**). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in **Fig. 2b1–2b4** dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 123 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Ovarialkarzinom eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1–50, 52–57.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäuresequenzen Seq. ID Nos. 1–50, 52–57.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 1–50, 52–57 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 123, die im Ovartumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1, 2, 18, 34, 51, 56, 61, 89, 98, 101, 106, die im Testistumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 27, 32, 42, 46, 60, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 1–50, 52–57 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1–50, 52–57 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrec99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540,

pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos. 124–257.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF ID Nos. 124–257 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 123 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID Nos. 124–257 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 103 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF ID No. 124 bis Seq. ID No. 257 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF ID No. 124 bis 257 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 103, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone; enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 103, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen
 maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %.

Erklärung der Abbildungen

Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.

Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung.

Fig. 2b1–2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung.

Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben.

Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern.

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1–2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Ovarumorgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (**Fig. 3**). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. **Fig. 4a** und **Fig. 4b**). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. **Fig. 4b**).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403–410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389–3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444–2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 68 gefunden, die 6,08× stärker

im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0195		0.0179		1.0896	0.9178	5
Brust	0.0141		0.0244		0.5758	1.7366	
Duennndarm	0.0184		0.0165		1.1122	0.8991	
Eierstock	0.0030		0.0182		0.1645	6.0803	10
Endokrines_Gewebe	0.0136		0.0226		0.6038	1.6562	
Gastrointestinal	0.0211		0.0185		1.1390	0.8780	
Gehirn	0.0126		0.0082		1.5299	0.6536	
Haematopoetisch	0.0080		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0110		0.0847		0.1300	7.6946	
Hepatisch	0.0095		0.0065		1.4706	0.6800	15
Herz	0.0233		0.0000		undef	0.0000	
Hoden	0.0058		0.0000		undef	0.0000	
Lunge	0.0062		0.0143		0.4355	2.2964	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0153		0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0060		0.0000	undef	
Niere	0.0054		0.0068		0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0066		0.0055		1.1966	0.8357	
Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000	
Prostata	0.0153		0.0043		3.5827	0.2791	
Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076		0.0136		0.5611	1.7821	25
Uterus_allgemein	0.0153		0.0000		undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0384						
Prostata-Hyperplasie	0.0149						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0235						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0147						30
Zervix	0.0426						
FOETUS							
%Haeufigkeit							
Entwicklung	0.0139						
Gastrointestinal	0.0028						35
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0039						
Haut	0.0000						
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0178						
Lunge	0.0108						40
Nebenniere	0.0254						
Niere	0.0062						
Placenta	0.0121						
Prostata	0.0249						
Sinnesorgane	0.0000						45
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
Brust	0.0000						
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0000						50
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0047						
Gastrointestinal	0.0244						
Haematopoetisch	0.0057						
Haut-Muskel	0.0259						
Hoden	0.0000						55
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0040						
Prostata	0.0479						
Sinnesorgane	0.0000						
Uterus_n	0.0083						60

2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 86 gefunden, die 7,82× stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0128	0.9153	1.0926
	Brust	0.0090	0.0169	0.5293	1.8893
	Duenndarm	0.0092	0.0331	0.2781	3.5964
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines Gewebe	0.0204	0.0426	0.4795	2.0856
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0185	1.1390	0.8780
	Gehirn	0.0274	0.0195	1.4020	0.7133
	Haematopoetisch	0.0107	0.1136	0.0941	10.6267
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz	0.0307	0.0137	2.2358	0.4473
15	Hoden	0.0115	0.0819	0.1406	7.1142
	Lunge	0.0104	0.0286	0.3629	2.7557
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
	Niere	0.0163	0.0342	0.4758	2.1016
20	Pankreas	0.0132	0.0110	1.1966	0.8357
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0234	0.7445	1.3433
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.5277	0.0512	19.5264
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0408	0.5611	1.7821
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0696
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0626
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0285
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0303
	Prostata	0.0997
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
55	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
65	Uterus_n	0.0000

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 114 gefunden, die 6,94 · x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

5

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185	10
Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	15
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	20
Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	25
Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				30
Samenblase	0.0445				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0213				
	FOETUS				35
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0136				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.1418				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0047				55
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0154				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0137				60
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833	
	Brust	0.0179	0.0075	2.3818	0.4198	
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	
	Eierstock	0.0120	0.0364	0.3289	3.0402	
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413	
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348	
	Gehirn	0.0059	0.0103	0.5760	1.7362	
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000	
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0095	0.0129	0.7353	1.3600	
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000	
	Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef	
	Lunge	0.0052	0.0164	0.3175	3.1494	
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006	
15	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305	
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857	
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000	
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282	
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000	
	Brust-Hyperplasie	0.0160				
	Prostata-Hyperplasie	0.0089				
	Samenblase	0.0000				
25	Sinnesorgane	0.0118				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				
	Zervix	0.0000				
30		FOETUS				
		%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000				
	Gastrointestenlinal	0.0083				
	Gehirn	0.0125				
	Haematopoetisch	0.0157				
	Haut	0.0000				
	35	Hepatisch	0.0000			
		Herz-Blutgefaesse	0.0142			
		Lunge	0.0145			
Nebenniere		0.0254				
Niere		0.0000				
40	Placenta	0.0061				
	Prostata	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136				
	Eierstock_n	0.0000				
	Eierstock_t	0.0000				
	Endokrines_Gewebe	0.0245				
	Foetal	0.0070				
	Gastrointestinal	0.0122				
	50	Haematopoetisch	0.0057			
		Haut-Muskel	0.0032			
Hoden		0.0154				
Lunge		0.0164				
Nerven		0.0141				
55	Prostata	0.0205				
	Sinnesorgane	0.0000				
	Uterus_n	0.0083				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0064	0.0019	3.4026	0.2939
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0572	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083	
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289	10
Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260	
Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0104	0.0041	2.5402	0.3937	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777	5
Brust	0.0141	0.0075	1.8715	0.5343	
Duenndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487	
Eierstock	0.0120	0.0390	0.3070	3.2573	
Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0376	0.7698	1.2990	
Gastrointestinal	0.0211	0.0324	0.6508	1.5365	10
Gehirn	0.0126	0.0144	0.8742	1.1439	
Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800	
Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0218	0.0204	1.0669	0.9373	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808	20
Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143	
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0106	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732	25
Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0192				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0217				
Zervix	0.0319				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0113	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0123	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
20	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0120
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0064	0.0038	1.7013	0.5878	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403	
Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0111				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0130				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0333				65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0201	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
45	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
65	Uterus_n	0.0250			

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694	
Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefaessee	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0023				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse			
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N		
Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639	5	
Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674		
Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000		
Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef	10	
Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0201	0.8491	1.1778		
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000		
Gehirn	0.0126	0.0072	1.7485	0.5719		
Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000		
Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000	15	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600		
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000		
Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000		
Lunge	0.0093	0.0061	1.5241	0.6561		
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	20	
Muskel-Skelett	0.0137	0.0180	0.7615	1.3133		
Niere	0.0054	0.0479	0.1133	8.8268		
Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686		
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000		
Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442	25	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000		
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782		
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
Brust-Hyperplasie	0.0064					
Prostata-Hyperplasie	0.0119				30	
Samenblase	0.0089					
Sinnesorgane	0.0000					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0095					
Zervix	0.0000					
FOETUS						
	%Haeufigkeit					35
Entwicklung	0.0139					40
Gastrointestinal	0.0083					
Gehirn	0.0063					
Haematopoetisch	0.0118					
Haut	0.0000					
Hepatisch	0.0000					45
Herz-Blutgefuesse	0.0107					
Lunge	0.0072					
Nebenniere	0.0000					
Niere	0.0247					
Placenta	0.0182					45
Prostata	0.0249					
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						50
	%Haeufigkeit					
Brust	0.0000					55
Eierstock_n	0.0000					
Eierstock_t	0.0000					
Endokrines_Gewebe	0.0000					
Foetal	0.0082					
Gastrointestinal	0.0000					60
Haematopoetisch	0.0057					
Haut-Muskel	0.0259					
Hoden	0.0154					
Lunge	0.0082					
Nerven	0.0040					60
Prostata	0.0205					
Sinnesorgane	0.0000					
Uterus_n	0.0042					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				
Zervix	0.0106				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefaessee	0.0071				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0029				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0010				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0083				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139	1.4008
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0179	0.6538	1.5296	5
Brust	0.0307	0.0226	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0338	0.2657	3.7640	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658	10
Gehirn	0.0074	0.0133	0.5538	1.8057	
Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	
Herz	0.0148	0.0137	1.0794	0.9265	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0353	0.0164	2.1591	0.4631	
Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983	
Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2850	0.7782	
Niere	0.0163	0.0274	0.5948	1.6813	20
Pankreas	0.0198	0.0166	1.1966	0.8357	
Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678	
Prostata	0.0196	0.0064	3.0709	0.3256	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0384				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0353				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0182				
Zervix	0.0426				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

24

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946	
Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0044	0.0021	2.1599	0.4630	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	
Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0104	0.0041	2.5402	0.3937	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0319				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointental	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0251				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0203				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0128				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0259				
Hoden	0.0077				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0100				60
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0333				65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0029				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0171				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef	
Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674
	Duenndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
10	Gehirn	0.0059	0.0021	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
20	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000
65		

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933	5
Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756	
Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072	
Gehirn	0.0081	0.0092	0.8800	1.1364	
Haematopoetisch	0.0067	0.0379	0.1764	5.6676	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800	
Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	20
Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5711	1.7510	
Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406	
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0153	0.0064	2.3885	0.4187	25
Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0069				
Zervix	0.0106				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				40
Gastrointestinal	0.0056				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0157				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefaessee	0.0036				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0121				50
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				55
Brust	0.0136				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0203				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0099				
Gastrointestinal	0.0122				65
Haematopoetisch	0.0171				
Haut-Muskel	0.0097				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0246				
Nerven	0.0060				65
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0387				
Uterus_n	0.0250				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0141	0.0263	0.5347	1.8702
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0312	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0222	0.0113	1.9635	0.5093
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0135	0.0123	1.1007	0.9085
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
20	Pankreas	0.0083	0.0221	0.3739	2.6743
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0058
	Gastrointestinal	0.0488
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0154
60	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0204	1.1441	0.8741	5
Brust	0.0192	0.0470	0.4083	2.4491	
Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0546	0.1645	6.0803	10
Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0075	2.7170	0.3681	
Gastrointestinal	0.0268	0.0416	0.6443	1.5522	
Gehirn	0.0037	0.0154	0.2400	4.1669	
Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0476	0.0259	1.8382	0.5440	
Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0166	0.0184	0.9032	1.1072	
Magen-Speiserohre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900	20
Muskel-Skelett	0.0069	0.0300	0.2284	4.3775	
Niere	0.0543	0.0411	1.3217	0.7566	
Pankreas	0.0363	0.0110	3.2906	0.3039	
Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517	
Prostata	0.0218	0.0128	1.7060	0.5862	25
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357	
Brust-Hyperplasie	0.0352				
Prostata-Hyperplasie	0.0535				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0078				
Zervix	0.0106				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0083				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefaessee	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				
Placenta	0.0121				50
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				55
Brust	0.0204				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0101				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0017				
Gastrointestinal	0.0244				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0040				70
Prostata	0.0137				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0083				75

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0051	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0027	0.0379	0.0706	14.1689
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestin	0.0028
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef	5
Brust	0.0090	0.0038	2.3818 0.4198	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887 0.8413	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0015	0.0031	0.4800 2.0835	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0010	0.0041	0.2540 3.9367	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0109	0.0043	2.5591 0.3908	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280 7.8106	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000 undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0213			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0028			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0217			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0124			45
Placenta	0.0121			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0136			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0101			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0076			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0030			
Prostata	0.0137			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000
65		

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278	5
Brust	0.0038	0.0113	0.3403	2.9389	
Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0702	0.0426	23.4526	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0556	0.0278	2.0018	0.4995	10
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0065	0.0255	0.2559	3.9077	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0192				
Prostata-Hyperplasie	0.0357				
Samenblase	0.0890				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0213				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0123	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0038	0.0075	0.5104	1.9593	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestenstinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefaessee	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0741	0.8942	1.1183
	Brust	0.0640	0.0846	0.7561	1.3225
	Duennndarm	0.1104	0.0165	6.6733	0.1499
	Eierstock	0.0958	0.1951	0.4912	2.0358
	Endokrines_Gewebe	0.0511	0.0426	1.1987	0.8343
	Gastrointestinal	0.1188	0.1527	0.7781	1.2851
10	Gehirn	0.0584	0.0863	0.6771	1.4769
	Haematopoetisch	0.1016	0.1136	0.8940	1.1186
	Haut	0.0698	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0776	0.0613	16.3199
	Herz	0.1304	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0230	0.0819	0.2811	3.5571
	Lunge	0.1620	0.1227	1.3209	0.7571
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.1073	0.5402	1.8511
	Muskel-Skelett	0.1045	0.0480	2.1773	0.4593
	Niere	0.0516	0.0959	0.5381	1.8583
20	Pankreas	0.0529	0.1491	0.3545	2.8205
	Penis	0.0749	0.0800	0.9360	1.0684
	Prostata	0.0632	0.0426	1.4843	0.6737
	Uterus_Endometrium	0.0676	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.1067	0.2309	0.4621	2.1640
25	Uterus_allgemein	0.1528	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0480			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0534			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1309			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0333
	Gehirn	0.0626
	Haematopoetisch	0.0590
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0391
	Lunge	0.0650
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0432
45	Placenta	0.0424
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0573
	Nerven	0.0181
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0333
65		

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0598	0.0501	19.9782	
Endokrines Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0299	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
10	Gehirn	0.0015	0.0062	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	_Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef	15
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0023				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0090	0.0207	0.4331	2.3091
	Duenndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0963	0.1245	8.0347
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0881	0.0740	1.1907	0.8398
10	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0453	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0123	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0511	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
	Samenblase	0.1157			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0250
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
60	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0234	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.3189	0.0153	20.7988	0.0481	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0083				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0286	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0072	0.4114	2.4307
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestenstinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0097
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0291

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666	5
Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489	10
Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454	
Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425	0.8048	
Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0062	0.0061	1.0161	0.9842	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035	
Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				40
Gastrointestinal	0.0111				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0247				
Placenta	0.0061				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0126				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				55
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0000				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0070				65
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0167				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0064				25
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefaessee	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0499				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0023				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0114				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0164				60
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				
					65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0260	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefaessee	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				55
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0231	0.0828	12.0723
	Gehirn	0.0000	0.0031	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0847	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0102	0.2032	4.9209
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0491
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741	5
Brust	0.0090	0.0263	0.3403	2.9389	
Duenndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0050	3.3962	0.2944	
Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275	0.2683	10
Gehirn	0.0081	0.0216	0.3771	2.6517	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	
Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0083	0.0020	4.0643	0.2460	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003	
Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406	20
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0131	0.0021	6.1418	0.1628	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0043				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5060
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
65	Uterus_n	0.0000			

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639	5
Brust	0.0179	0.0169	1.0586	0.9446	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0286	0.2093	4.7774	
Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0251	1.2906	0.7749	
Gastrointestinal	0.0287	0.0278	1.0354	0.9658	10
Gehirn	0.0229	0.0164	1.3949	0.7169	
Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0350	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0239	0.0225	1.0623	0.9414	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003	
Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206	20
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0262	0.0085	3.0709	0.3256	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0160				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0356				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0208				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853
15	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
20	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0179	0.4358	2.2944	5
Brust	0.0064	0.0094	0.6805	1.4694	
Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921	
Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230	15
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775	20
Lunge	0.0073	0.0102	0.7112	1.4060	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439	25
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	30
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0272	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				35
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0043				
Zervix	0.0213				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0056	
Gehirn	0.0188	
Haematopoetisch	0.0079	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0036	45
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0124	
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	50
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	55
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	60
Foetal	0.0087	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0194	65
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0100	
Prostata	0.0000	65
Sinnesorgane	0.0077	
Uterus_n	0.0167	

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0150	0.1701	5.8778
	Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0072	0.5143	1.9446
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0061	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411	0.3184
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0153	0.0106	1.4331	0.6978
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.1014
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0456
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222	5
Brust	0.0179	0.0038	4.7637	0.2099	
Duenndarm	0.0092	0.0496	0.1854	5.3946	
Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431	
Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0251	0.6113	1.6358	
Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950	10
Gehirn	0.0155	0.0103	1.5119	0.6614	
Haematopoetisch	0.0040	0.0758	0.0529	18.8919	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000	undef	
Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0177	0.0143	1.2338	0.8105	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0231	0.0221	1.0470	0.9551	
Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678	
Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0256				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0095				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0153	1.5254	0.6555
	Brust	0.0115	0.0113	1.0208	0.9796
	Duenndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140	3.1849
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0278	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0148	0.0144	1.0285	0.9723
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0106	0.0275	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0123	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0120	1.1422	0.8755
	Niere	0.0136	0.0274	0.4956	2.0176
20	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0192	0.5687	1.7585
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
45	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020	25
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef	30
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				35
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				40
Zervix	0.0000				
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duenndarm	0.0061	0.0496	0.1236	8.0920
	Eierstock	0.0120	0.0364	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0140	0.0185	0.7600	1.3159
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0138	0.0412	0.3341	2.9932
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0234	0.7445	1.3433
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
45	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0162			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0250			

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666	5
Brust	0.0077	0.0132	0.5833	1.7144	
Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175	10
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944	
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289	
Gehirn	0.0022	0.0072	0.3086	3.2409	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0468	0.0000	undef	
Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933	20
Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0065	0.0085	0.7677	1.3026	25
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0182				
Zervix	0.0213				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestenstinal	0.0028				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefaessee	0.0178				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0124				
Placenta	0.0061				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				55
Brust	0.0068				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0152				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0000				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0246				
Nerven	0.0060				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0128	0.0150	0.8507	1.1756
	Duenn darm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0226	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0103	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
15	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0102	0.6096	1.6403
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
20	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointesten tinal	0.0056			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgef aesse	0.0142			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
45	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewe be	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0585	0.0332	1.7601	0.5681	5
Brust	0.0230	0.0132	1.7499	0.5715	
Duenn darm	0.0153	0.0827	0.1854	5.3946	
Eierstock	0.0150	0.0546	0.2741	3.6482	
Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042	
Gastrointestinal	0.0192	0.0416	0.4602	2.1730	10
Gehirn	0.0163	0.0277	0.5866	1.7046	
Haematopoetisch	0.0374	0.0379	0.9881	1.0121	
Haut	0.0404	0.0847	0.4765	2.0985	
Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200	
Herz	0.0297	0.0412	0.7196	1.3897	15
Hoden	0.0863	0.1169	0.7380	1.3551	
Lunge	0.0364	0.0266	1.3678	0.7311	
Magen-Speiserohre	0.0290	0.0767	0.3782	2.6444	
Muskel-Skelett	0.0411	0.0360	1.1422	0.8755	
Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206	20
Pankreas	0.0132	0.0497	0.2659	3.7607	
Penis	0.0359	0.0800	0.4493	2.2259	
Prostata	0.0262	0.0128	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0528	0.6402	1.5621	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0251				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0251	0.4075	2.4537
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0140	0.0082	1.7099	0.5848
	Haematopoetisch	0.0053	0.1515	0.0353	28.3379
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0104	0.0184	0.5645	1.7715
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
20	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0835
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0375
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0241
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000
65		

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0077	0.0526	0.1458	6.8574	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0300	0.0754	0.3970	2.5190	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0153	0.0046	3.3134	0.3018	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.2996	0.0077	39.0765	0.0256	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0068				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0665	0.1173	8.5221
	Brust	0.0217	0.0169	1.2854	0.7779
	Duenndarm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0650	0.3224	3.1022
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0125	0.9509	1.0516
10	Gastrointestinal	0.0421	0.0925	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0163	0.0647	0.2514	3.9775
	Haematopoetisch	0.0214	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0259	0.3676	2.7200
	Herz	0.0307	0.0412	0.7453	1.3418
15	Hoden	0.0058	0.0819	0.0703	14.2284
	Lunge	0.0426	0.0675	0.6312	1.5843
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0537	0.1801	5.5532
	Muskel-Skelett	0.0257	0.0480	0.5354	1.8677
	Niere	0.0000	0.0822	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0132	0.0607	0.2176	4.5964
	Penis	0.0090	0.0800	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0192	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0272	1.6834	0.5940
25	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0278
	Gehirn	0.0375
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0356
	Lunge	0.0542
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
45	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0491
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0383	0.3051	3.2777	5
Brust	0.0141	0.0301	0.4679	2.1374	
Duenndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0234	0.2558	3.9088	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0077	0.0139	0.5522	1.8109	10
Gehirn	0.0074	0.0185	0.4000	2.5001	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0615	0.0275	2.2358	0.4473	15
Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0218	0.0204	1.0669	0.9373	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0171	0.0660	0.2596	3.8522	
Niere	0.0027	0.0479	0.0566	17.6536	20
Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.1290	0.1181	8.4650	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0480				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0213				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0305				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0236				
Haut	0.2513				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0178				
Lunge	0.0217				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0185				
Placenta	0.0364				45
Prostata	0.2742				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				60
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0077				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0150	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0675	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0153	0.0139	1.1045	0.9054
10	Gehirn	0.0022	0.0154	0.1440	6.9448
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	6.3239	0.7179	8.8087	0.1135
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.2721
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0354
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.2685
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083
65		

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

72

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef	5
Brust	0.0141	0.0056	2.4953 0.4008	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0364	0.2467 4.0535	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491 1.1778	
Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283 1.2072	10
Gehirn	0.0000	0.0041	0.0000 undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	15
Lunge	0.0010	0.0000	undef 0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711 1.7510	
Niere	0.0054	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991 3.3428	20
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482 1.3366	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0288			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			30
Zervix	0.0106			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0278			35
Gastrointestinal	0.0056			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0275			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefuesse	0.0036			
Lunge	0.0253			
Nebenniere	0.0761			
Niere	0.0062			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0251			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0068			50
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0051			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0128			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0285			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			60
Nerven	0.0050			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0125			65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0026	0.0169	0.1512	6.6125
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0185	0.3106	3.2193
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
20	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0157
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
55	Foetal	0.0169
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duenn darm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines Gewebe	0.0324	0.0075	4.3019	0.2325
	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
10	Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0135	0.0102	1.3209	0.7571
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
20	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0154
60	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0128	1.5254	0.6555	5
Brust	0.0153	0.0338	0.4537	2.2042	
Duenn darm	0.0368	0.0331	1.1122	0.8991	
Eierstock	0.0150	0.0416	0.3598	2.7796	
Endokrines_Gewebe	0.0375	0.0125	2.9887	0.3346	
Gastrointestinal	0.0441	0.0278	1.5877	0.6299	10
Gehirn	0.0118	0.0246	0.4800	2.0835	
Haematopoetisch	0.0361	0.0379	0.9528	1.0496	
Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133	
Herz	0.0244	0.1375	0.1773	5.6394	15
Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082	
Lunge	0.0457	0.0429	1.0645	0.9394	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0274	0.0360	0.7615	1.3133	
Niere	0.0489	0.0411	1.1896	0.8406	20
Pankreas	0.0165	0.0110	1.4957	0.6686	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0436	0.0426	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0541	0.4222	0.1280	7.8106	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0832				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.1110				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1053	0.0895	1.1768	0.8498
	Brust	0.0652	0.0846	0.7713	1.2966
	Duenndarm	0.1073	0.0992	1.0813	0.9248
	Eierstock	0.0629	0.1353	0.4649	2.1509
	Endokrines_Gewebe	0.0579	0.0451	1.2830	0.7794
10	Gastrointestinal	0.1379	0.2220	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0702	0.0534	1.3153	0.7603
	Haematopoetisch	0.1056	0.1136	0.9293	1.0761
	Haut	0.0587	0.0847	0.6931	1.4427
	Hepatisch	0.0285	0.1035	0.2757	3.6266
	Herz	0.1293	0.0412	3.1353	0.3189
15	Hoden	0.0403	0.1754	0.2296	4.3556
	Lunge	0.0914	0.1063	0.8598	1.1631
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.1840	0.2101	4.7599
	Muskel-Skelett	0.0548	0.1260	0.4351	2.2982
	Niere	0.0814	0.1438	0.5665	1.7654
20	Pankreas	0.0363	0.1878	0.1936	5.1662
	Penis	0.1138	0.0800	1.4227	0.7029
	Prostata	0.0697	0.0958	0.7279	1.3738
	Uterus_Endometrium	0.1824	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0838	0.0951	0.8818	1.1341
25	Uterus_allgemein	0.1171	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0671			
	Prostata-Hyperplasie	0.0922			
	Samenblase	0.0712			
	Sinnesorgane	0.0706			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1448			
	Zervix	0.1810			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0557
	Gastrointestinal	0.1083
	Gehirn	0.0500
	Haematopoetisch	0.0944
	Haut	0.2513
40	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0712
	Lunge	0.1409
	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.1297
45	Placenta	0.0545
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0163
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0292
	Hoden	0.0077
60	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0663	0.0895	0.7409	1.3497	5
Brust	0.0371	0.0489	0.7591	1.3174	
Duerndarm	0.0766	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0270	0.0754	0.3573	2.7989	
Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0326	0.5225	1.9139	
Gastrointestinal	0.0805	0.0833	0.9664	1.0348	10
Gehirn	0.0177	0.0390	0.4547	2.1992	
Haematopoetisch	0.0896	0.0758	1.1822	0.8459	
Haut	0.0551	0.1695	0.3249	3.0779	
Hepatisch	0.0238	0.0776	0.3064	3.2640	
Herz	0.0604	0.1237	0.4883	2.0480	15
Hoden	0.0288	0.0702	0.4100	2.4391	
Lunge	0.0519	0.0429	1.2096	0.8267	
Magen-Speiserohre	0.0676	0.0843	0.8022	1.2466	
Muskel-Skelett	0.0223	0.0240	0.9280	1.0775	
Niere	0.0353	0.0548	0.6443	1.5520	20
Pankreas	0.0132	0.0773	0.1709	5.8500	
Penis	0.0838	0.0533	1.5724	0.6360	
Prostata	0.0567	0.0255	2.2179	0.4509	
Uterus_Endometrium	0.0946	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0762	0.0679	1.1223	0.8911	25
Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0192				
Prostata-Hyperplasie	0.0505				
Samenblase	0.0445				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0772				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0468	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0353	0.0164	2.1591	0.4631
	Magen-Speiserohre	0.1836	0.1227	1.4969	0.6681
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4571
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.1246			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0663	0.0511	1.2966	0.7712	5
Brust	0.0371	0.0301	1.2335	0.8107	
Duenndarm	0.0491	0.0827	0.5932	1.6858	
Eierstock	0.0180	0.0494	0.3636	2.7506	
Endokrines_Gewebe	0.0460	0.0401	1.1462	0.8724	
Gastrointestinal	0.0383	0.0324	1.1833	0.8451	10
Gehirn	0.0222	0.0144	1.5428	0.6482	
Haematopoetisch	0.0214	0.0379	0.5646	1.7711	
Haut	0.0477	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0238	0.0259	0.9191	1.0880	
Herz	0.0392	0.0275	1.4263	0.7011	15
Hoden	0.0230	0.0819	0.2811	3.5571	
Lunge	0.0249	0.0327	0.7621	1.3122	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0230	0.4202	2.3799	
Muskel-Skelett	0.0171	0.0240	0.7139	1.4008	
Niere	0.0326	0.0137	2.3791	0.4203	20
Pankreas	0.0165	0.0497	0.3324	3.0085	
Penis	0.0509	0.0267	1.9094	0.5237	
Prostata	0.0305	0.0170	1.7913	0.5582	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0528	0.5121	1.9526	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366	25
Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0320				
Prostata-Hyperplasie	0.0505				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0225				
Zervix	0.0426				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0301	0.0851	11.7556
	Duenndarm	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0728	0.0411	24.3213
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0100	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
10	Gehirn	0.0510	0.0596	0.8565	1.1675
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.1695	0.0217	46.1678
	Hepatisch	0.0523	0.1747	0.2996	3.3382
	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
15	Hoden	0.0000	0.0935	0.0000	undef
	Lunge	0.0073	0.0818	0.0889	11.2478
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0240	0.2760	0.0869	11.5066
	Niere	0.3910	0.4108	0.9516	1.0508
20	Pankreas	0.1123	0.0387	2.9060	0.3441
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1838			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0696
	Gastrointestinal	0.0194
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.2302
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.1632

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0128
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0231
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0310
	Uterus_n	0.0000
65		

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef	5
Brust	0.0000	0.0075	0.0000	undef	
Duenndarm	0.0276	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0180	0.0416	0.4317	2.3163	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0498	0.1156	0.4307	2.3216	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0156	0.0123	1.2701	0.7873	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0153	1.0170	0.9833
	Brust	0.0090	0.0244	0.3664	2.7290
	Duenndarm	0.0123	0.0496	0.2472	4.0460
	Eierstock	0.0090	0.0338	0.2657	3.7640
	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0226	0.6038	1.6562
	Gastrointestinal	0.0172	0.0324	0.5325	1.8779
10	Gehirn	0.0044	0.0216	0.2057	4.8614
	Haematopoetisch	0.0254	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0286	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
20	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0131	0.0106	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0250
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0178
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0371
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0256
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0309
60	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.1084
	Uterus_n	0.0250
65		

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0332	0.8214	1.2174	5
Brust	0.0230	0.0188	1.2250	0.8164	
Duenndarm	0.0276	0.0331	0.8342	1.1988	
Eierstock	0.0210	0.0650	0.3224	3.1022	
Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645	1.1567	
Gastrointestinal	0.0172	0.0463	0.3728	2.6827	10
Gehirn	0.0118	0.0144	0.8228	1.2153	
Haematopoetisch	0.0214	0.0379	0.5646	1.7711	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400	
Herz	0.0540	0.0550	0.9830	1.0173	15
Hoden	0.0173	0.0585	0.2952	3.3877	
Lunge	0.0322	0.0450	0.7159	1.3969	
Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644	
Muskel-Skelett	0.0240	0.0600	0.3998	2.5014	
Niere	0.0353	0.0548	0.6443	1.5520	20
Pankreas	0.0165	0.0221	0.7479	1.3371	
Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807	
Prostata	0.0240	0.0405	0.5926	1.6874	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.1055	0.2561	3.9053	
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714	
Brust-Hyperplasie	0.0224				
Prostata-Hyperplasie	0.0297				
Samenblase	0.0534				
Sinnesorgane	0.0588				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0234				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef
	Gehirn	0.0044	0.0041	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0309
60	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777	5
Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687	
Duenndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0416	0.2159	4.6326	10
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487	
Gehirn	0.0126	0.0031	4.0798	0.2451	
Haematopoetisch	0.0080	0.1136	0.0706	14.1689	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	
Herz	0.0191	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775	
Lunge	0.0104	0.0164	0.6350	1.5747	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	20
Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510	
Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610	
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678	
Prostata	0.0131	0.0021	6.1418	0.1628	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0104				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0278				40
Gastrointestenstinal	0.0111				
Gehirn	0.0250				
Haematopoetisch	0.0157				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefaessee	0.0285				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0377				55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				60
Brust	0.0000				65
Eierstock_n	0.1595				
Eierstock_t	0.0152				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0070				
Gastrointestinal	0.0000				70
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0231				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0191				75
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0155				
Uterus_n	0.0250				80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0435	0.8076	1.2383
	Brust	0.0576	0.0489	1.1778	0.8490
	Duenn darm	0.0337	0.0165	2.0391	0.4904
	Eierstock	0.0659	0.1353	0.4871	2.0531
	Endokrines Gewebe	0.0801	0.0878	0.9121	1.0963
10	Gastrointestinal	0.0441	0.1203	0.3664	2.7294
	Gehirn	0.1072	0.0298	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0201	0.1515	0.1323	7.5568
	Haut	0.0661	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0428	0.0582	0.7353	1.3600
	Herz	0.0572	0.0687	0.8327	1.2010
15	Hoden	0.0460	0.1988	0.2315	4.3193
	Lunge	0.0416	0.0634	0.6555	1.5255
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0613	0.4727	2.1155
	Muskel-Skelett	0.0360	0.0180	1.9989	0.5003
	Niere	0.0489	0.0411	1.1896	0.8406
20	Pankreas	0.1371	0.0552	2.4829	0.4028
	Penis	0.0479	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0741	0.0426	1.7402	0.5747
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0475	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0639			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0623			
	Sinnesorgane	0.0588			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0546			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0696
	Gastrointestinal	0.1971
	Gehirn	0.0500
	Haematopoetisch	0.0551
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.1040
	Herz-Blutgefuesse	0.0427
	Lunge	0.1120
	Nebenniere	0.1521
	Niere	0.0309
45	Placenta	0.1212
	Prostata	0.0748
	Sinnesorgane	0.0628

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0304
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0262
	Gastrointestinal	0.1220
	Haematopoetisch	0.0285
	Haut-Muskel	0.0356
	Hoden	0.0309
60	Lunge	0.2211
	Nerven	0.0502
	Prostata	0.0615
	Sinnesorgane	0.1471
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917	5
Brust	0.0307	0.0169	1.8147	0.5510	
Duenn darm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487	
Eierstock	0.0120	0.0416	0.2878	3.4745	
Endokrines Gewebe	0.0273	0.0176	1.5526	0.6441	
Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127	10
Gehirn	0.0192	0.0154	1.2479	0.8013	
Haematopoetisch	0.0147	0.0379	0.3882	2.5762	
Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765	0.2720	
Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107	15
Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163	
Lunge	0.0177	0.0204	0.8637	1.1579	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891	
Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2536	
Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0106	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0416				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0087				
Zervix	0.0213				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0153	2.0339	0.4917
	Brust	0.0192	0.0320	0.6005	1.6654
	Duenndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0416	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0451	0.6038	1.6562
	Gastrointestinal	0.0230	0.0093	2.4850	0.4024
10	Gehirn	0.0177	0.0164	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0174	0.0379	0.4587	2.1798
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0065	5.8824	0.1700
	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0115	0.0351	0.3280	3.0489
	Lunge	0.0187	0.0123	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0460	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
20	Pankreas	0.0083	0.0166	0.4986	2.0057
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0528	0.7682	1.3018
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0204	1.4964	0.6683
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0557
	Gastrointestinal	0.0222
	Gehirn	0.0250
	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0249
	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0151
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0259
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0341
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef	5
Brust	0.0051	0.0395	0.1296 7.7146	
Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561 1.7982	
Eierstock	0.0030	0.0312	0.0959 10.4234	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0038	0.0139	0.2761 3.6217	10
Gehirn	0.0081	0.0113	0.7200 1.3890	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	
Lunge	0.0062	0.0020	3.0482 0.3281	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605 0.7933	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856 3.5020	
Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0033	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0030	0.1066	0.0281 35.6140	
Prostata	0.0044	0.0043	1.0236 0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			30
Zervix	0.0106			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0028			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0101			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0087			
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			60
Nerven	0.0010			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0333			65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0435	0.5384	1.8574
	Brust	0.0512	0.0470	1.0888	0.9184
	Duenndarm	0.0307	0.0331	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0449	0.0754	0.5955	1.6793
10	Endokrines_Gewebe	0.0409	0.0502	0.8151	1.2268
	Gastrointestinal	0.0441	0.0509	0.8660	1.1547
	Gehirn	0.0214	0.0442	0.4856	2.0595
	Haematopoetisch	0.0682	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0551	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0453	0.6303	1.5867
	Herz	0.0604	0.0962	0.6278	1.5929
	Hoden	0.0345	0.0819	0.4217	2.3714
20	Lunge	0.0322	0.0736	0.4375	2.2858
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0613	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0480	0.4640	2.1551
	Niere	0.0679	0.0616	1.1014	0.9079
25	Pankreas	0.0430	0.0828	0.5185	1.9286
	Penis	0.0240	0.0267	0.8985	1.1129
	Prostata	0.0392	0.0490	0.8011	1.2483
	Uterus_Endometrium	0.0743	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0838	0.0611	1.3717	0.7290
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0954	0.3736	2.6765
	Brust-Hyperplasie	0.0703			
	Prostata-Hyperplasie	0.0535			
35	Samenblase	0.0623			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1309			
	Zervix	0.0639			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0974
	Gastrointestinal	0.0777
	Gehirn	0.0751
	Haematopoetisch	0.0511
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0569
	Lunge	0.0578
45	Nebenniere	0.1521
	Niere	0.0371
	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.1632

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0979
55	Foetal	0.0326
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
60	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0221
	Prostata	0.0205
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0486	0.4014	2.4911	5
Brust	0.0064	0.0338	0.1890	5.2900	
Duenndarm	0.0153	0.0165	0.9268	1.0789	
Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803	
Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348	10
Gehirn	0.0052	0.0123	0.4200	2.3811	
Haematopoetisch	0.0361	0.0379	0.9528	1.0496	
Haut	0.0184	0.0847	0.2166	4.6168	
Hepatisch	0.0048	0.0388	0.1225	8.1599	
Herz	0.0074	0.0962	0.0771	12.9706	15
Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0665	0.0573	1.1612	0.8612	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0383	0.5042	1.9833	
Muskel-Skelett	0.0788	0.0300	2.6271	0.3807	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0116	0.0166	0.6980	1.4326	
Penis	0.0000	0.0800	0.0000	undef	
Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.1682				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0153	0.0038	4.0832	0.2449
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
10	Gehirn	0.0052	0.0021	2.5199	0.3968
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0844	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0201	0.0275	0.7324	1.3653
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0156	0.0061	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0329	0.1066	0.3089	3.2376
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0852			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0087
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
60	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125
65		

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741	5
Brust	0.0038	0.0169	0.2268	4.4083	
Duenndarm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991	
Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef	
Endokrines Gewebe	0.0051	0.0326	0.1567	6.3796	
Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096	10
Gehirn	0.0067	0.0062	1.0799	0.9260	
Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0083	0.0143	0.5806	1.7223	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	25
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0356				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0150	0.7925	1.2619
	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
10	Gehirn	0.0081	0.0082	0.9899	1.0102
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0127	0.0412	0.3084	3.2426
15	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0307	0.2371	4.2179
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0383	0.7563	1.3222
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
20	Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0142
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0000	0.0106	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
40	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
45	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
60	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			
65					

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0038	0.0132	0.2917	3.4287	
Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946	
Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0145	0.0061	2.3708	0.4218	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0139				30
Zervix	0.0106				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefasse	0.0000				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0061				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0068				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0047				55
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0077				
Lunge	0.0164				60
Nerven	0.0040				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0113	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0286	0.1047	9.5548
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
10	Gehirn	0.0059	0.0082	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
20	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
55	Foetal	0.0116
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef	5
Brust	0.0115	0.0132	0.8750	1.1429	
Duenndarm	0.0337	0.0496	0.6797	1.4713	
Eierstock	0.0030	0.0390	0.0768	13.0292	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0251	0.3396	2.9444	
Gastrointestinal	0.0747	0.0879	0.8501	1.1763	10
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef	
Lunge	0.0042	0.0143	0.2903	3.4446	
Magen-Speiserohre	0.0483	0.0077	6.3027	0.1587	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406	20
Pankreas	0.0231	0.0166	1.3960	0.7163	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.1113
	Gastrointestinal	0.0694
	Gehirn	0.0938
	Haematopoetisch	0.0590
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefasse	0.1281
	Lunge	0.0397
	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.0432
45	Placenta	0.0485
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.1381

65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111	5
Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361	10
Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096	
Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051	20
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefaessee	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				65
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				70
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				75
Uterus_n	0.0042				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0077	0.0075	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0061	0.0331	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0030	0.0390	0.0768	13.0292
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
10	Gehirn	0.0044	0.0154	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0970	0.0980	10.1999
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0789	0.0532	1.4850	0.6734
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
20	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0021	7.1654	0.1396
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.1411			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.1917			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestin	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083	
Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestenstinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0735				
Foetal	0.0000				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0083				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
20	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0424
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0134
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0179	1.7434	0.5736	5
Brust	0.0205	0.0244	0.8376	1.1939	
Duennndarm	0.0675	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0442	0.1354	7.3832	10
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907	
Gastrointestinal	0.0862	0.0463	1.8638	0.5365	
Gehirn	0.0067	0.0133	0.4984	2.0063	
Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0477	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200	
Herz	0.0212	0.0412	0.5140	1.9456	
Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163	
Lunge	0.0374	0.0450	0.8313	1.2029	
Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000	20
Muskel-Skelett	0.0137	0.0600	0.2284	4.3775	
Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439	
Pankreas	0.0066	0.0442	0.1496	6.6857	
Penis	0.0449	0.0267	1.6847	0.5936	
Prostata	0.0240	0.0234	1.0236	0.9769	25
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0384				
Prostata-Hyperplasie	0.0238				30
Samenblase	0.0534				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0303				
Zervix	0.0319				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0278				40
Gastrointenstinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefaesse	0.0213				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0182				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0304				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0064				
Gastrointestinal	0.0122				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0227				
Hoden	0.0309				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0020				65
Prostata	0.0137				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0000	0.0188	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0442	0.2709	3.6916
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0185	0.7248	1.3797
	Gehirn	0.0007	0.0072	0.1029	9.7228
	Haematopoetisch	0.0321	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0478	0.0450	1.0623	0.9414
	Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0690	0.9804	1.0200
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0940	0.4775
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1101			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0234	0.0588	0.3979 2.5129	5
Brust	0.0179	0.0507	0.3529 2.8339	
Duenn darm	0.0245	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0180	0.0546	0.3289 3.0402	
Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0251	1.2906 0.7749	
Gastrointestinal	0.0364	0.0786	0.4629 2.1603	10
Gehirn	0.0067	0.0216	0.3086 3.2409	
Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0323	0.1471 6.7999	
Herz	0.0042	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0115	0.0117	0.9839 1.0163	
Lunge	0.0270	0.0225	1.2008 0.8328	
Magen-Speiserohre	0.0290	0.0383	0.7563 1.3222	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711 1.7510	
Niere	0.0326	0.0616	0.5287 1.8915	20
Pankreas	0.0132	0.0607	0.2176 4.5964	
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0458	0.0617	0.7412 1.3491	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445 0.4455	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0352			
Prostata-Hyperplasie	0.0476			
Samenblase	0.0356			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			30
Zervix	0.0106			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0167			
Gehirn	0.0125			
Haematopoetisch	0.0079			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0325			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0124			
Placenta	0.0303			45
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0136			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0253			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0169			
Gastrointestinal	0.0488			
Haematopoetisch	0.0114			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0231			60
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0100			
Prostata	0.0205			
Sinnesorgane	0.0077			
Uterus_n	0.0083			65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0256	1.3729	0.7284
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duenndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0204	0.6096	1.6403
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0244	0.0068	3.5687	0.2802
20	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0170	0.6398	1.5631
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0410
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.1809	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0240	0.0598	0.4004	2.4973	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.2184	0.0416	5.2461	0.1906	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0143	0.0453	0.3151	3.1733	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0460	0.4202	2.3799	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0066	0.0221	0.2991	3.3428	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0230	1.3559	0.7375
	Brust	0.0435	0.0320	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0429	0.0165	2.5952	0.3853
	Eierstock	0.0210	0.0676	0.3100	3.2263
	Endokrines_Gewebe	0.0341	0.0752	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0185	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0525	0.0554	0.9466	1.0564
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133
	Herz	0.0329	0.0962	0.3414	2.9288
15	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0166	0.0327	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0240	1.4278	0.7004
	Niere	0.0624	0.0822	0.7600	1.3158
20	Pankreas	0.0182	0.0055	3.2906	0.3039
	Penis	0.0419	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0405	0.4310	2.3202
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0136	2.8057	0.3564
25	Uterus_allgemein	0.0662	0.0954	0.6939	1.4412
	Brust-Hyperplasie	0.0608			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0623			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0500
	Gehirn	0.0876
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0434
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0556
45	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.1130

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0488
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0356
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0410
	Nerven	0.0402
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0375

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0639	0.3051	3.2777	5
Brust	0.0333	0.0470	0.7077	1.4129	
Duennndarm	0.0399	0.1819	0.2191	4.5647	
Eierstock	0.0150	0.0702	0.2132	4.6905	
Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0903	0.2642	3.7857	
Gastrointestinal	0.0900	0.1110	0.8111	1.2329	10
Gehirn	0.0067	0.0267	0.2492	4.0126	
Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0323	0.4412	2.2666	
Herz	0.0011	0.0962	0.0110	90.7941	15
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef	
Lunge	0.0062	0.0184	0.3387	2.9526	
Magen-Speiseroehre	0.0483	0.3527	0.1370	7.2985	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0360	0.0000	undef	
Niere	0.0733	0.1575	0.4655	2.1483	20
Pankreas	0.0694	0.0276	2.5128	0.3980	
Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9357	
Prostata	0.0109	0.0255	0.4265	2.3446	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.4771	0.0000	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0576				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.1068				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				
Zervix	0.0319				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0204	0.3814	2.6222
	Brust	0.0102	0.0132	0.7777	1.2858
	Duenndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
	Gastrointestinal	0.0307	0.0093	3.3134	0.3018
10	Gehirn	0.0111	0.0144	0.7714	1.2964
	Haematopoetisch	0.0094	0.0379	0.2470	4.0483
	Haut	0.0441	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0170	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0229	0.0245	0.9314	1.0737
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808
20	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0272	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0191			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0185
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0131
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef	5
Brust	0.0051	0.0132	0.3889 2.5715	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717 3.6805	
Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000 1.6668	
Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676 2.7200	
Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0093	0.0123	0.7621 1.3122	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303 1.5866	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965 2.5219	20
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991 3.3428	
Penis	0.0090	0.0267	0.3369 2.9678	
Prostata	0.0392	0.0213	1.8425 0.5427	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0238			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			30
Zervix	0.0106			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0056			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0072			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0247			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0101			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
_Foetal	0.0105			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0285			
Haut-Muskel	0.0324			
Hoden	0.0077			
Lunge	0.0246			60
Nerven	0.0020			
Prostata	0.0410			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0167			65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0128	2.1356	0.4682
	Brust	0.0141	0.0169	0.8318	1.2023
	Duenndarm	0.0215	0.0496	0.4325	2.3120
	Eierstock	0.0090	0.0364	0.2467	4.0535
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0125	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0155	0.0113	1.3745	0.7276
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0276	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0145	0.0164	0.8891	1.1248
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
	Niere	0.0081	0.0411	0.1983	5.0439
20	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0543	0.1403	7.1284
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0320			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0243			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0696
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0285
	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111	5
Brust	0.0166	0.0282	0.5898	1.6955	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146	
Endokrines_Gewebe	0.0392	0.0527	0.7439	1.3442	
Gastrointestinal	0.0153	0.0370	0.4142	2.4145	10
Gehirn	0.0059	0.0072	0.8228	1.2153	
Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0064	0.0687	0.0925	10.8088	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0239	0.0470	0.5080	1.9684	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006	
Niere	0.0299	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0182	0.0110	1.6453	0.6078	
Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0305	0.0106	2.8662	0.3489	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.1055	0.1920	5.2070	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821	25
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0352				
Prostata-Hyperplasie	0.0446				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0353				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0147				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0460	0.2542	3.9333
	Brust	0.0192	0.0376	0.5104	1.9593
	Duennndarm	0.0000	0.0496	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0102	0.6096	1.6403
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0271	0.0137	1.9826	0.5044
20	Pankreas	0.0132	0.0221	0.5983	1.6714
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0240	0.0298	0.8043	1.2434
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestenstinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0408
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0608
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0122
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111	5
Brust	0.0051	0.0207	0.2475	4.0410	
Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0338	0.0886	11.2920	10
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0038	0.0185	0.2071	4.8289	
Gehirn	0.0022	0.0092	0.2400	4.1669	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0847	0.0433	23.0839	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0053	0.0275	0.1927	5.1882	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				30
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0213				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestenstinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefaessee	0.0071				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0251				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0354				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0035				
Gastrointestinal	0.0122				60
Haematopoetisch	0.0114				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0020				60
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0155				
Uterus_n	0.0375				65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0409	0.2860	3.4963
	Brust	0.0256	0.0376	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0390	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0477	0.0702	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0479	0.0231	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0229	0.0349	0.6564	1.5234
	Haematopoetisch	0.0281	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0624	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
	Herz	0.0519	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0230	0.0468	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0270	0.0491	0.5504	1.8170
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0230	1.6807	0.5950
	Muskel-Skelett	0.0377	0.0840	0.4487	2.2286
	Niere	0.0462	0.0411	1.1235	0.8901
20	Pankreas	0.0116	0.0276	0.4188	2.3877
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0283	0.0490	0.5786	1.7284
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0528	1.0243	0.9763
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0272	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0312			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0611
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0157
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0320
	Lunge	0.0397
	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.0247
45	Placenta	0.0303
	Prostata	0.1247
	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0702	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658	10
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestenstinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefaessee	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0101				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0047				60
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0114				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0167				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0123	0.5927	1.6872
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
20	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestenstinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefaessee	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0124
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0208

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0517	0.0879	0.5886	1.6991	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0381	0.0518	0.7353	1.3600	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0164	0.0635	15.7470	20
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				65
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				70
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				75
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0741	0.0256	2.8983	0.3450
	Brust	0.0166	0.0226	0.7372	1.3564
	Duenndarm	0.0153	0.0331	0.4634	2.1579
	Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140	3.1849
	Endokrines_Gewebe	0.0426	0.0100	4.2453	0.2356
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0416	0.5522	1.8109
	Gehirn	0.0266	0.0267	0.9969	1.0031
	Haematopoetisch	0.0441	0.0379	1.1645	0.8587
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
	Herz	0.0583	0.0550	1.0601	0.9433
15	Hoden	0.0288	0.0585	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0384	0.0286	1.3427	0.7448
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett	0.0274	0.0420	0.6527	1.5321
	Niere	0.0136	0.0137	0.9913	1.0088
20	Pankreas	0.0083	0.0718	0.1151	8.6914
	Penis	0.0180	0.0800	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0305	0.0298	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0528	0.3841	2.6035
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0272	1.6834	0.5940
25	Uterus_allgemein	0.0204	0.0954	0.2135	4.6839
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0305
	Gehirn	0.0313
	Haematopoetisch	0.0275
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0289
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0247
45	Placenta	0.0424
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0861
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0250
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0778
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0201
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0387
65	Uterus_n	0.0583

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370	5
Brust	0.0090	0.0094	0.9527	1.0496	
Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0074	0.0062	1.1999	0.8334	15
Haematopoetisch	0.0040	0.0758	0.0529	18.8919	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059	0.4533	20
Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000	25
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	30
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327	35
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	40
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0267				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				
Zervix	0.0000				50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0155
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0153	0.7627	1.3111	5
Brust	0.0026	0.0132	0.1944	5.1431	
Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946	
Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145	10
Gehirn	0.0030	0.0062	0.4800	2.0835	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.1760	0.0518	3.4008	0.2941	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0010	0.0082	0.1270	7.8735	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411	0.3184	
Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0174	0.0277	0.6299	1.5875	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1053	0.1125	0.9361	1.0683
	Brust	0.1164	0.1015	1.1468	0.8720
	Duenndarm	0.0491	0.0662	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0479	0.1015	0.4723	2.1173
	Endokrines Gewebe	0.0562	0.0251	2.2415	0.4461
	Gastrointestinal	0.1015	0.1758	0.5777	1.7311
10	Gehirn	0.0296	0.1273	0.2322	4.3058
	Haematopoetisch	0.0535	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.2166	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0809	0.1035	0.7813	1.2800
	Herz	0.4133	0.2612	1.5825	0.6319
15	Hoden	0.0748	0.0468	1.5989	0.6254
	Lunge	0.1506	0.1227	1.2278	0.8145
	Magen-Speiseroehre	0.2126	0.1073	1.9808	0.5048
	Muskel-Skelett	0.0805	0.1680	0.4793	2.0863
	Niere	0.0543	0.0890	0.6100	1.6393
20	Pankreas	0.0562	0.1712	0.3281	3.0479
	Penis	0.1497	0.2399	0.6240	1.6026
	Prostata	0.0850	0.0362	2.3483	0.4258
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.1019	0.4489	2.2276
25	Uterus_allgemein	0.0560	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0991			
	Prostata-Hyperplasie	0.0832			
	Samenblase	0.0801			
	Sinnesorgane	0.1059			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0720			
	Zervix	0.0639			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0835			
	Gastrointestinal	0.0361			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0433			
	Haut	0.0000			
40	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0961			
	Lunge	0.0867			
	Nebenniere	0.0761			
	Niere	0.0309			
45	Placenta	0.1151			
	Prostata	0.5984			
	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0544			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0466			
	Gastrointestinal	0.0610			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0421			
	Hoden	0.0000			
60	Lunge	0.1474			
	Nerven	0.0110			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			
65					

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555	5
Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264	4.4166	
Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef	
Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945	15
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	20
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051	25
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004	
Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658	30
Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	35
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	40
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				50
					55
					60
					65

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992–4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen.

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele können die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovarumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe (%)	Funktion	Länge des Ausgangs- EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
1	94.40		470	2434	
2	98.27		341	798	
3	93.44		252	882	
4	100.00		344	2901	
5	93.44		260	579	
6	96.40		244	2809	
7	98.27		230	910	
8	96.64		251	1447	
9	99.11		252	671	
10	98.27		315	803	
11	96.64		404	427	
12	99.11		240	828	
13	96.64		216	552	
14	99.11		422	901	
15	96.64		107	993	
16	95.85		325	2273	
17	99.44		242	2391	
18	97.55		442	986	
19	93.44		102	526	
20	99.11		160	1765	
21	93.44		309	746	
22	96.64		249	659	
23	98.27		271	357	
24	93.44		226	890	
25	93.37		340	651	
26	99.93		260	1256	
27	93.44		349	694	
28	96.64		337	1927	
29	93.44		212	672	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe (%)	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
30	100.00	unbekannt	265	269	
31	93.44	unbekannt	267	604	
32	96.64	Partielles Homolog zu R. norvegicus calpain	266	781	
33	99.94	Partiell Homolog zu Human mRNA for fungal sterol-C5-desaturase homolog	231	304	
34	100.00	Partiell homolog zu Human GPx-3 mRNA for plasma glutathione peroxidase	347	1528	
35	97.55	Partiell Homolog zu Homo sapiens CHD2 mRNA	226	499	
36	93.44	Mus musculus formin binding protein 21	251	1396	
37	100.00	Humanes Homolog zu Xenopus laevis cement gland-specific (XAG-2) protein	250	1018	
38	99.54	Humanes Homolog zu Tribolium castaneum zinc finger protein	262	808	
39	99.88	Humanes Homolog zu S; cerevisiae chromosome II sequence for ORF YBR1725	295	1139	
40	95.68	Humanes Homolog zu Rattus norvegicus rsly1p	383	2177	Chr. 17
41	99.11	Humanes Homolog zu PEC-60=gastrointestinal peptide, swine	254	402	
42	93.44	Humanes Homolog zu Mus musculus mCAF1 protein	194	1349	Chr. 8, D8S549-D8S1733
43	93.44	unbekannt	268	3552	
44	99.76	Humanes Homolog zu Mouse kidney androgen-regulated protein (KAP)	210	601	
45	99.44	Humanes Homolog zu M. musculus Tera	240	2147	
46	96.64	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7	260	623	
47	95.68	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7	422	781	Chr. 2, D2S388-D2S2181
48	97.34	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid K11H12	261	1714	Chr. 10, D10S551-D10S532
49	93.44	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid C43E11	280	831	
50	93.44	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid C40H1	259	744	
51	95.68	Humanes NipsNap2 Protein	358	2017	
52	95.58	Humanes Homolog zu Bovine inorganic pyrophosphatase	252	856	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe (%)	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
53	93.42	Humanes Homolog zu B.taurus mRNA for B15 subunit of NADH:ubiquinone oxidoreductase complex	231	540	Chr.3, D3S1310- D3S1575
54	93.44	unbekannt	260	1912	
55	94.40	unbekannt	535	1962	
56	97.55	Humanes Homolog des R. norvegicus intestinal epithelium proliferating cell-associated mRNA sequence	272	1458	
57	95.68	Homolog zu Bruton's tyrosine kinase	255	2188	Chr.10, D10S581- D10S210
58	99.47	Y box binding protein-1 (YB-1)	261	1548	
59	99.44	Tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein	239	1254	
60	99.03	Trefoil factor 1	231	577	
61	99.31	thymosin beta-10	145	263	
62	92.74	SPARC/osteonectin	255	425	
63	99.11	Protease, serine, 2 (trypsin 2)	257	954	
64	93.44	Mucin 5, subtype B	152	647	
65	99.88	Humanes Annexin IV	238	2213	
66	97.44	Human Xq13 3' end of PAC 92E23 containing the X inactivation transcript (XIST) gene	376	1728	
67	95.58	Human X2 box repressor	355	2878	
68	92.43	Human transcriptional coactivator PC4	269	701	
69	96.64	Human tetraicopeptide repeat protein	399	817	
70	95.58	Human tax1-binding protein TXBP151	273	2686	
71	95.26	Human spermidine/spermine N1-acetyltransferase	253	827	
72	99.78	Human prothymosin alpha	242	922	
73	99.48	Human profilin	241	870	
74	100.00	Human pepsinogen C	173	1418	
75	97.31	Human p97	257	3041	
76	100.00	Human osteopontin	248	1712	
77	91.29	Human nonspecific crossreacting antigen	210	2273	

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe (%)	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
78	95.85	Human non-histone chromosomal protein	371	1273	
79	99.31	Human mRNA for protein disulfide isomerase-related protein P5	249	2342	
80	92.43	Human mRNA for KIAA0332	297	1959	
81	99.05	Human mRNA for KIAA0078	454	3708	
82	99.52	Human mRNA for 90-kDa heat-shock protein	386	3045	
83	97.71	Human major nuclear matrix protein	234	2815	
84	99.68	Human Ku (p70/p80) subunit	275	3462	
85	99.56	Human interferon-induced 17-kDa/15-kDa protein	244	668	
86	97.55	Human hsc70 gene for 71 kd heat shock cognate protein	262	671	
87	99.31	Human H3.3 histone	267	1121	
88	92.43	Human gamma-interferon-inducible protein (IP-30)	239	1108	
89	99.11	Human fatty acid binding protein homologue (PA-FABP)	248	720	
90	98.27	Human enhancer of rudimentary homolog	241	837	
91	96.64	Human deleted in split hand/split foot 1 (DSS1)	240	498	
92	98.27	Human decay-accelerating factor mRNA	261	1077	
93	99.22	Human chromosome segregation gene homolog CAS	252	1755	
94	99.92	Human carcinoma-associated antigen GA733-2, Human epithelial glycoprotein (EGP)	233	1545	
95	99.98	Human calmodulin	436	1133	
96	93.44	Human Bax alpha	149	791	
97	99.92	Human antileukoprotease (ALP)	252	599	
98	93.44	Homo sapiens UDP-galactose-4-epimerase	248	643	
99	96.64	Homo sapiens mRNA for putative progesterone binding protein	250	860	
100	99.82	Homo sapiens mRNA for galectin-3	241	1155	
101	98.56	Homo sapiens monocyte/macrophage Ig-related receptor MIR-7 (MIR cl-7)	252	522	
102	98.82	Homo sapiens Kunitz-type protease inhibitor	243	1628	
103	96.64	Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor	243	605	
104	97.10	Homo sapiens galectin-4	230	1183	
105	99.55	Homo sapiens DNA for amyloid precursor protein	347	2731	
106	99.95	Homo sapiens CD24 signal transducer	212	2194	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe (%)	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
107	99.11	Homo sapiens Arp2/3 protein complex subunit p16-Arc (ARC16)	231	1812	
108	96.64	Histone H2B	255	890	
109	97.44	High-mobility group (nonhistone chromosomal) protein 1	274	274	
110	99.44	H.sapiens, gene for Membrane cofactor protein	246	2627	
111	97.55	H.sapiens TROP-2 gene	258	976	
112	99.75	H.sapiens mRNA for Icn protein	283	1427	
113	98.43	H.sapiens mRNA for BiP protein	473	2639	
114	95.68	H.sapiens HE4 mRNA for extracellular proteinase inhibitor homologue	242	634	
115	100.00	H.sapiens for neutrophil gelatinase associated lipocalin	146	719	
116	95.68	H.sapiens mRNA for Sm protein G	240	494	
117	99.11	H.sapiens for glutathione peroxidase-GI	275	1065	
118	93.42	FK506-binding protein 1	231	2744	
119	93.44	E08543 cDNA encoding novel protein produced by glioblastoma, Patent besteht	251	521	
120	96.64	CDC28 protein kinase 2	220	648	
121	96.64	B-factor, properdin	301	1842	
122	99.00	Annexin II	246	1596	
123	98.27	ADP-ribosylation factor like 1	264	1033	

DE 198 17 557 A 1

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.		Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	1	124
		125
		126
		127
		128
10	2	129
		130
		131
		132
15	3	133
		134
		135
		136
20	4	137
		138
		139
		140
25	5	141
		142
		143
		144
30	6	145
		146
		147
		148
35	7	149
		150
		151
		152
40	8	153
		154
		155
		156
45	9	157
		158
		159
		160
50	10	161
		162
		163
		164
55	11	165
		166
		167
		168
60	12	169
		170
		171
		172
65	13	173
		174
		175
		176
	14	177
		178
		179
		180
	15	181
		182
		183
		184
	16	185
		186

DE 198 17 557 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
30	187	
	188	
31	189	5
	190	
	191	
32	192	
	193	
	194	10
	195	
	196	
33	197	
	198	
	199	15
34	200	
	201	
35	202	
	203	
	204	20
36	205	
	206	
	207	
	208	
37	209	25
38	210	
	211	
39	212	
	213	
	214	30
	215	
40	216	
41	217	
	218	
42	219	35
	220	
	221	
43	222	
	223	
	224	40
	225	
44	226	
	227	
45	228	
	229	45
	230	
	231	
	232	
46	233	
	234	50
	235	
47	236	
	237	
	238	
48	239	55
	240	
49	241	
	242	
50	243	
	244	60
	245	
52	246	
53	247	
	248	
	249	65
54	250	
	251	

DNA-Sequenzen
Seq. ID. No.

Peptid-Sequenzen (ORF's)
Seq. ID. No.

55

252

5

253

254

56

255

256

57

257

10

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 123 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 124 bis Seq. ID No. 257 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

15

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

20

(i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

25

(E) LAND: Deutschland

(F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

30

35

40

45

50

55

60

65

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Ovartumorgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 257

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2434 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

DE 198 17 557 A 1

cgggatttta cccggtttaa aaagcgaacc ttctcccggc tacacccgaa ggtacccaaa 60
 tatgggtagg tccggttttc caacttggca aacgtatggg gaagcccggg gatggcttcc 120
 ataaattttc cagcggatta tggcattcct tccaggaaat acctcttggg aaaggcctgc 180
 5 ttgcaaatat gcattttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac cagtttaaaag 240
 ctttcaacttc atttgtgttt tttaattaag gatttagaag ttcccccaat tacaaaactgg 300
 ttttaaataat tggacatact ggttttaata cctgctttgc atattcacac atgggtcaact 360
 gggacatggt aaactttgat ttgtcaaatt ttatgctgtg tggaaatacta actatatgta 420
 10 ttttaactta gttttaatat tttoattttt ggggaaaaat cttttttcac ttctcatgat 480
 agctgttata tatatatgct aaatctttat atacagaaat atcagtactt gaacaaattc 540
 aaagcacatt tggtttatta acccttgctc cttgcatggc tcattagggtt caaattataa 600
 ctgatttaca ttttcagcta tatttacttt ttaaagtctt gagtttccca ttttaaaatc 660
 taaactagac atcttaattg gtgaaagttg tttaaactac ttattgttgg taggcacatc 720
 15 gtgtcaagtg aagtagtttt atagggtatgg gttttttctc ccccttcacc aggggtgggtg 780
 gaataagttg atttggccaa tgtgtaatat ttaaaactgtt ctgtaaaata agtgtctggc 840
 catttgggtat gatttctgtg tgtgaaaggt cccaaaatca aaatggtaca tccataatca 900
 gccaccattt aacccttctt tgttctaaaa caaaaaccaa agggcgctgg ttggtagggg 960
 gaggtggggg agtattttta tttttggaat ttgggaagca gacagcttta ctttgtaagg 1020
 20 ttggaacagc agcactatac atgaaatata aaccaaaaac ctttactgtt tctaaatttc 1080
 ctagattgct attatttggg tgtaaagtga gtattccaca gaaagtggta attatctctt 1140
 ctctcttctt ccattagaaa attaggtaaa taatggattc ctataatggg agcatcacca 1200
 cttattaaaa cacacataga atgatgaatt aaaaaagttt tctaggattg tcttttattc 1260
 25 tgccacattt attgataaac agtgaaggaa tttttaaaaa atttttaaga attgtttgtc 1320
 acgtcatttt tagaaatggt ctacctgtat atggtaatgt ccagttttta aaatattgga 1380
 catcttcaat cttaaacatt tctattttagc tgattggttc tcacatatac ttctaaaaga 1440
 aacttttatg ttataagagt tacttttttg ataagattta ttaatctcag ttacctacta 1500
 ttctgacatt ttaggaagga ggtaattgtt tttaatgatg gataaacttg tgctgggtgt 1560
 30 ttggatctta tgatgctgag catgttctgc actggtgcta atgtctaata taattttata 1620
 ttacacaca tacgtgctac ccagagatta atttagtcca tatgaactat tgacccattg 1680
 ttcattgaga cagcaacata cgcactccta aatcagtgtg ttttagacttt tcaagtatct 1740
 aactcatttc caaacatgta ccattgttta taaacctctt gatttccagc aacatactat 1800
 agaaaacacc tgctactcaa aacacaactt ctcagtgtca tccattgctg tcgtgagaga 1860
 35 caacatagca atatctggta tgttgcaagc tttcaagata gcctgaactt aaaaagttgg 1920
 tgcattagtt gtatctgatg gatataaatt tgcctcctag ttcaactttgt gtcaagagct 1980
 aaaactgtga acctaaacttt ctcttattgg tgggtaataa ctgaaaataa agattttatt 2040
 tcatgctcac ttcttaaaag tcataaaaaa aatcaaatag gatcatgttt attgtcatgt 2100
 gtttctctgg ttctgacctg tgtgcacacc cctgtgtgtt tataattttt aaattgaatt 2160
 40 ttatatgggg tttttatttg ctaaaaacca ggctgttgaa tcacatttgg gaagggtact 2220
 tatcttaaat actaatgact taattgggaa agttgaattc ttgtaaaata caaaatccaa 2280
 ggacttcttg ggattttaatc taattgtcac ttcgttaggc agatgcactt ttttggataa 2340
 tggaaagtta agcataccga atgctacttt tggttgacaa acgggcctaa tagtccgggg 2400
 45 ggaaatccct aacgggtaag ggtcccaagt atgg 2434

50

55

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 798 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

```

gcctatattg gaagcagaca gcgatactga tgacattgac cacagagtta cagaggaaaag 60
ccatgaagag ccagcattcc agaattttat gcaagaatcg atggcacaat actggaagag120
aaacaataaa taggagactt tagcacactt cacttgtttc tagaagtcca gaatttttggal80
cctccacgtg aaagaactgt tcttacctct gaactggggg ctcccataag ggataatttt240
cctcagagta gcaaagtttc tcttattaga gaaatcttgt gactcagatg aagtcaggga300
tagaagaccc ttggacctgg caggttaatg ctgattattc cttggccttt cccttgatt360
tatgcaagga aggatatact gagctgatac tcttccaagc ctacaacttc aagttttatc420
atgtgaactc aagtactttt gctgctgagg aatggaatca aaagaacgta gtctcctggt480
gaccacctca gatctctatt attaggctag atgtatagcc tctactcccc cagcttcttg540
ctcttgaccc tgcactgtaa gttgcccttc tattagcagc caaggaaaag ggaaacatga600
gcttatccag aacggtggca gagtctcctt ggcaatcaac caacgttgct atgaaatatg660
cctcacactg tatagctcat tataggacgt caggtttggt gaaazaaagtg ggcaagacat720
gattaatgaa tcagaatcct gtttcattgg tgacttggat aaagactttt taatttttaa780
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa
798

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 882 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```

attccaaaca tggcggctcc actagggggt atgtttttctg ggcagccacc cgggtccccct 60
caggccccgc cgggccttcc gggccaagct tcgcttcttc aggcagctcc aggcgctcct120
agaccttcca gcagtacttt ggtggacgag ttggagtcac ctttcgagggc ttgctttgca180
tctctgggtga gtcaggacta tgtcaatggc accgatcagg aagaaattcg aaccgggtgtt240
gatcagtgta tccagaagtt tctggatatt gcaagacaga cagaatgttt tttcttacaa300
aaaagattgc agttatctgt ccagaaacca gagcaagtta tcaaagagga tgtgtcagaa360
ctaaggaatg aattacagcg gaaagatgca ctagtccaga agcacttgac aaagctgagg420
cattggcagc aggtgctgga ggacatcaac gtgcagcaca aaaagccgc cgacatccct480
cagggtccct tggcctacct ggagcaggca tctgccaaca tccctgcacc tctgaagcca540
acgtgagcaa agggcagagg cagttggcct atgagtgggc tgatgogtga ggttggccac600
acattccttc ctgtggactt gacatttttg aagaactctt tgccagataa tgagttcatt660
ttagttttat gctcccattg aaaaattttc cactattttt ataagctgtt aatttcttga720
gtactttata acatgtctgt agcttgata aaccaagtaa gtatTTTTTT tttgtcttta780
gcaaagttta gactgtgaat atgatgacac agattctttt ttatggtggc tttgcttgtt840
ttaaattttt gcatgacttt taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 882

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2901 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

actgagtgaa gatgaaatca ggacactgaa acagaaaaaa attgatgaaa cttctgagca 60
 ggaacaaaaa cataaagaaa ccaacaatag caatgctcag aaccccagcg aagaagaggg 120
 tgaagggcaa gatgaggaca ttttacctct aacccttgaa gagaaggaaa acaaagaata 180
 cctaaaaatct ctatttgaaa tcttgattct gatgggaaag caaaacatac ctctggatgg 240
 acatgaggct gatgaaatcc cagaagggtct ctttactcca gataactttc aggcactgct 300
 ggagtgtcgg ataaattctg gtgaagaggt tctgagaaag cggtttgaga caacagcagt 360
 taacacgttg ttttgttcaa aaacacagca gaggcagatg ctagagatct gtgagagtgt 420
 tattcgagaa gaaactctca gggaagtgtg agactcacac ttcttttcca ttatcactga 480
 cgatgtagtgt gacatagcag gggaagagca cctacctgtg ttggtgaggt ttggtgatga 540
 atctcataac ctaagagagg aatttatagg ctctctgcct tatgaagccg atgcagaaat 600
 tttggctgtg aaatttcaca ctatgataac tgagaagtgg ggattaaata tggagtattg 660
 tctgtggccag gcttacattg tctctagtgg attttcttcc aaaatgaaag ttggtgcttc 720
 tagactttta gagaaatata cccaagctat ctacacactc tgctcttctt gtgctttaa 780
 tatgtggttg gcaaaatcag tacctgttat gggagtatct gttgcattag gaacaattga 840
 ggaagtttgt tcttttttcc atcgatcacc acaactgctt ttagaacttg acaacgtaat 900
 tgctgttctt ttccagaaca gtaaagaaaag gggtaaagaa ctgaaggaaa tctgccattc 960
 tcagtggaca ggcaggcatg atgcttttga aatttttagt gaactcctgc aagcacttgt 1020
 tttatgttta gatggtataa atagtgcac aaatattaga tggataaact atatagctgg 1080
 ccgagcattt gtactctgca gtgcagtgtc agattttgat ttcattgtta ctattgttgt 1140
 tcttaaaaat gtccctatct ttacaagagc ctttgggaaa aacctccagg ggcaaacctc 1200
 tgatgtcttc tttgcggcgg gtagcttgac tgcagtactg cattcactca acgaagtga 1260
 tggaaaatat tgaagttaat catgaatttt ggtttgagga agccacaaat ttggcaacca 1320
 aacttgatat tcaaatgaaa ctccctggga aattccgcag agctcaccag ggtaacttgg 1380
 aatctcagct aacctctgag agttactata aagaaacctt aagtgtccca acagtggagc 1440
 acattattca ggaacttaaa gatataattc cagaacagca cctcaaagct cttaaatgtc 1500
 tatctctggt accctcagtc atgggacaac tcaaatcaaa tacgtoggag gaacaccatg 1560
 ctgacatgta tagaagtgtc ttacccaatc ctgacacgct gtcagctgag cttcattgtt 1620
 ggagaatcaa atggaaaac agggggaaaag atatagagct tccgtccacc atctatgaag 1680
 cctccacct gcctgacatc aagttttttc ctaatgtgta tgcattgctg aaggtcctgt 1740
 gtattcttcc tgtgatgaag gttgagaatg agcgttatga aaatggacga aagcgtctta 1800
 aagcatattt gaggaacact ttgacagacc aaaggtcaag taacttgggt ttgcttaaca 1860
 taaattttga tataaaacac gaactggatt taatggtgga cacatatatt aaactctata 1920
 caagtaagtc agagcttccct acagataatt ccgaaactgt ggaaaatacc taagagactt 1980
 ttaaaaatag gctttcttat atttgatatt tggaaagaaa agccgtaagg tgtatgtaga 2040
 ccacttaatc actaaatata tttgcctata ggactccatt gaatacatta gccattgata 2100
 atctacctgt ttaaatggcc cctgtttgaa ctctcaagct ttgaagacct acctgttctt 2160
 ccagaagaga acgttgaaag tgccatgttt ccttttgctg gatctctgtt gatggcactc 2220
 tggaaattgt tcagttaagt catttttagac atagcattta ttatcactgt ggatctctac 2280
 ttggtgggtg ttatgaattc tttgaagaaa tatattttga agaggtgtgg gaggaaggaa 2340
 tacattttat aaaatgttgt agtgaagccc acaattgacc tttgactaat aggagtttta 2400
 agtatgttaa aaatctatac tggacagtta caagaaatta ccggagaaaa gcttgtagac 2460
 tcaccaaaca aggatttcag tgtagatttt gtctttcttg aacttaaaga aacaaatgac 2520
 aaagtttgaa tggaaaagcc tgctgttgtt ccacatctcg ttgctgttta cattcctttg 2580
 tggagcctac atcttcctaa gcttttttagc aggtatatgt tgaacacttc tgtttcatgg 2640
 ttgagacaga atcagaggcc atggatactg acaactgatt tgtctgtttt ttttctctgt 2700
 ctttttccat gactcttata tactgcctca tcttgattta taagcaaaac ctggaaaacc 2760
 taaaaataa gtgtgtgtgt ttatctagaa aaatatggaa aatattgtgt ttatttttgg 2820
 tgaagaaaat caattttgta tagttttatt caatctaaat aaaatgtgaa ttttgtttaa 2880
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 2901

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 579 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

```

aaagaaagag aaagaaagaa aagaagattg tagctagggg gagagtaggt gaaaagatga 60
35 acaacatgac ogggaagatt tcctaattct accacagcct ggctctacct taagtcttta120
ataaaagctt gactgaaggt accaaggtgt gctgaagtgg aagcaaagtt ctccaaagtc180
cagcatggta gacatcagtg gtggtaacca aggacagacc ccaaggcaag gtgaacctca240
aaaatggaac ctcaagtcta tgcagtcacg ctgccctccc caccagaaaag tccttggtcc300
agcccaacat cagtgcctct gagtttgttt actagaaaca aaggaagaat ttcttgtaa360
40 aaatatagac agagtagtcc ctggctttct cctcttgagc gaaggatgga ttctccatt420
ccataccatc tttccccac actggcccca gaaatactta attcaactat gtgaaaataa480
agattgtttt tggtttgagg gcatagggat ccatttatcc ttattcttta tgaggcacta540
aattagcttt gtatgttatt aaatgtgtct cgtcaatgc 579

```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2809 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

Name: 2252947 Len: 2809 Check: 1EDB

```

gcagggcctc gtgccgtttg cataaatagg ttttctcact cttctttttt tccttctttt 60
atccctcact ccctcccta aacctgcct cagcacaatg gactaattct agcattctga 120
tcataaggcc ctccattttc ctaatgtgtt tcaagggaatc tttttaggaa aaatatccag 180
attattcatc cacttttttt agtatctact aacaactcct tttttctctc agagagttat 240
gaaggaaacag gttgtccttg tctggagtca agctaaacac atgatttggt ttatcagcag 300
ctggagcaga agttgaaaat gtctttctgt gagacagtaa tttgctactg aagctttatg 360
gcttgtttgc actgattact ccaggatcca aaaacttggg gaaagtcact gaaacactca 420
aggcaaatta ctttacagcc ctgagtgctc gtcaccatag tttgcataat gaatatgaat 480
cccattgggtg tgtgatgtag gaaatcctgt agttgtattt tcttgaactg aaatatattga 540
ctcaaaaataa ttaagactca ttgtcatttt tcatcttggc attattgtgg acaagttgac 600
atattaaatc tctttgcttt ctggtaagct tagcttttaa aatgcatttt cccttgtcct 660
gtctttaact agatatacat gcttatattt atagtgggtt tcacagacta taaaattgaa 720
tgtatgaaat ttttatttat atcagtgctt ttaataatga agatattttt ggagtaattg 780
tgctgtcttg tagcgagtta ttaatcatag taagattttt ttctcttcat ttgctttttt 840
tgtttcataa taacaatttt ttttttacac ggacacaacc ctctgacagt ctttccaaat 900
attaaaatca tttgaatatg tatgctgtga tctgaacact gctcaagcca tcaagcagtc 960
ttcatacagt ttgcattata aaatctcatt aaattctcca agaaaaata agttgaagaa1020
ttttattttcc tgaccatgca tccctggat ttctgagttt cagttcagat tgtagatgac1080
aatataagct gccttccgaa attgtcaaca tctgaatgtt aagtcatttt tccccatgga1140
agaagccgt agttccatga agtatggatt accatttgta tttttcacta acagtaaatg1200
tatttttctt attaatgtt tgcttagga atgtagaatt acattttttg ttcttctta1260
ccataaacat ctgcattcct cagctcagcc ttcttgat gttgtttctt tataaatggt1320
tgagctgctg atgcaggat tgccaagcta acagtacaaa tcatttttaa gaggaagctg1380
gogcgtatgg cagccgagga gcacactctg caggacactg gacaagacag taaatattca1440
acttttaatg ctgattaaag gagtataggt aaagaatacg taggtataca taattgggtga1500
gacaaatatt cactttattt atattttata tattattttt ttaatttggt aaatactatc1560
cagttttgta gttgtccttg ttgatttggt tgatattaaa gtattagtaa taattgccag1620
gaaactatca ttagggaggg tttagttggt tgctgtttg actgggaggg atgatttaaa1680
tttagtgota gaaaccaatt ttagtgactg cacagtttat catttgtcag acagaaggta1740
gctataaagc taccctgtaa gtcatatcaa aaaagttcag aggaagatta gtaaatattt1800
atcaataaaa ataaacattt tgtttttcta atatcttaac atatctccc ctttaggagg1860
aagaacgtgc aaaacgtgag gagctagagc gaatactgga agagaataac cgaaaaattg1920
cagaagcaca agccaaactg gccgaagaac agttgagaat tgttgagaa caaagaaaga1980
ttcatgagga aaggatgaaa ctagaacaag aacgacaacg tcaacaaaaa gaagaacaaa2040
aaattatcct gggcaagggg aagtccaggc caaaactgtc cttctcatta aaaaccagg2100
attaaattgc aaactctgaa ctttttacaa agaaaaatgg aaaaactttg tatggtagct2160
tcatgttgaa gtggtttttt gtttttggtt ttgtttttt aatttgtaaa atctggaaag2220
ttagcttggt ctaatagggg ctatgctctg caattccctt ttttttctt ttttttctt2280
ccactaagtc aaatccttat cagatcattg ttgtattcta aggagtgacg ttttttctc2340
ctgtttggat tctatattag tggctgagg aagagcagat cacattgtaa aactatggat2400
ggctgtgataa ggcttttact gacccactg acttcagagt tatactctgt ttgctacatc2460
ataatgctgg ttttgctgac ttttttggtt ttatatatt tataaaaaa gaaaaagttg2520
gtgattgcat tgggaaattc ccagggtatt actggaccta tgtggtgtat tgttaaacca2580
gtgtccttgt gatactgttg ctcttgatgt tcctgatata ggtaaggaaa cagttgggtca2640
actctgatac aaagtatata tacagttcag tattgtctct gttcattttg tttttatttc2700
attgacaaaa tcaaaccagc attccccatt gtgtaataaa atgatttttg tgaataaagt2760
aaagtcttaa attcaaaaaa aaaaaaaaaa gaaaacaaaa aaaaaaaaaa 2809

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 910 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

```

agttcggcac agagaaagta ttttaacctt cctgtagaga tcctcgatcat ggaaagggtgc 60
caaactgttt tgaatggaag gacaagtaag agtgaggcca cagttcccac cacacgaggg120
cttttgtatt gttctacttt ttcagccctt tactttctgg ctgaagcatc cccttggagt180
gccatgtata agttgggcta ttagagttca tggaacatag aacaacccatg aatgagtggc240
atgatccgtg cttaatgatc aagtgttact tatctaataa tcctctagaa agaaccctgt300
tagatccttg tttgtgataa aaatataaag acagaagaca tgaggaaaaa caaaagggtt360
gaggaaatca ggcataatgac tttatactta acatcagatc ttttctataa tatcctacta420
ctttgggttt cctagctcca taccacacac cttaaaccctgt attatgaatt acatattaca480
aagtcataaa tgtgccatat ggatatacag tacattctag ttggaatcgt ttactctgct540
agaatttagg tgtgagattt tttgtttccc aggtatagca ggcttatgtt tgggtggcatt600
aaattgggtt ctttaaaatg ctttggtggc acttttgtaa acagattgct tctagattgt660
tacaacccaa gcctaagaca catctgtgaa tacttagatt tgtagcttaa tcacattcta720
gacttgtgag ttgaatgaca aagcagttga acaaaaatta tggcatttaa gaatttaaca780
tgtcttagct gtaaaaatga gaaagtgttg gttggtttta aaatctggtg actccatgat840
gaaaagaaat ttattttata cgtgttatgt ctctaataaa gtattcattt gataaaaaaa900
aaaaaaaaaa                                     910

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1447 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

gcgacggcgg cttagaaagt gcttctctgga gcgcagacga ggtcatgaat catgtgacgg 60
 tggcttgagg aggaacctgt ctttaaagct gtccctgaag tgacagcggg gagaaccagg 120
 cagcccagaa accccaggcg tggagattga tcctgcgaga gaaggggggt catcatggcg 180
 gatgacctaa agcgattctt gtataaaaag ttaccaagtg ttgaagggtt ccatgccatt 240
 gttgtgtcag atagagatgg agtacctgtt attaaagtgg caaatgacaa tgctccagag 300
 catgctttgc gacctgggtt cttatccact tttgcccttg caacagacca aggaagcaaa 360
 cttggacttt ccaaaaataa aagtatcatc tgttactata acacctacca ggtgggttcaa 420
 tttaatcggt tacctttggg ggtgagtttc atagccagca gcagtgccaa tacaggacta 480
 attgtcagcc tagaaaagga acttgctcca ttgtttgaag aactgagaca agttgtggaa 540
 gtttcttaaat ctgacagtgg ttccagtgtg taccttatct tcattataac aacacaatat 600
 caatccagca atcttttagac tacaataata cttttatcca tgtgtcaag aaagggcccc 660
 tttttccaac ttataactaaa gagctagcat atagatgtaa tttatagata gatcagttgc 720
 tatattttct ggtgtagggg ctttcttatt tagtgagatc tagggatacc acagaaatgg 780
 ttcagtcctat cacagctccc atggagttag tctggtcacc agatatggat gagagattct 840
 attcagtggg tcagaatcaa actggtacat tgatccactt gagccgttaa gtgctgocaa 900
 ttgtacaata tgcccaggct tgcagaataa agccaacttt ttattgtgaa taataataag 960
 gacatatattt tcttcagatt atgttttatt tctttgcatt gagtgaggaa cataaaatgg1020
 cttggtaaaa gtaataaaat cagtacaatc actaacittc ctttgtacat attattttgc1080
 agtatagatg aatattacta atcagtttga ttattctcag aggggtgctgc tctttaatga1140
 aaatgaaaat tatagctaatt gttttttcct caaactctgc tttctgtaac caatcagtgt1200
 tttaatgttt gtgtgttctt cataaaattt aaatacaatt cgttattctg tttccaatgt1260
 tagtatgtat gtaaacatga tagtacagcc atttttttca tatgtgagta aaaataaaat1320
 agtattttta aaaatataaa aaaaaaaaat ttttttggtc agactttttc1380
 caaaaatcta aacataatta atatactctt tcagccacat gaataaataa tgagtgtttc1440
 ttgtaaa 1447

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 671 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

```

agcgcggtga agcgggggtg ggatctgaac atggcggcgg tggtagctgc taaggcgtg 60
10 aagggccggg gggcgagaaa tgcccgcgtc ctccggggga ttctcgcagg agccacagct120
aacaaggctt ctcataacag gaccggggcc ctgcaaagcc acagctcccc agagggcaag180
gaggaacctg aaccctatc cccggagctg gaatacattc ccagaaagag gggcaagaac240
cccatgaaag ctgtgggact ggcctgggcc atcggttcc cttgtggtat cctcctcttc300
atcctcacca agcgggaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaaggc tcggcagaac360
15 atgcggttgt ccaacacggg cgagtatgag agccagaggt tcagggttc ctcccagagt420
gccccgtccc ctgatgttg gtctggggg cagacctgag gagcgctgcg accctcctag480
gctattgact gttaagtct caggtttgg ccagattcca gtctgtgcct ctgaggtcca540
ccagagggcg catgaagccc aggtgttgc caaacctac cctgccccac accaaggagc600
ccaccaagg caataaagt tattgagtgt ttagtagaaa ggaaaaaaaa aaaaaaaaaa660
20 aaaagtcgac c 671

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 803 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

```

gaagatgagg tggaagaaga gtcaacagct ttgcaaaaaa ctgacaaaaa ggaaattttg 60
55 aaaaaatcag agaaagatac aaattctaaa gtaaaaccca aaggcaaagt tcgatggact120
ggttctcgga cacgtggcag atggaaatat tccagcaatg atgaaagtga aggggtctggc180
agtgaanaat catctgcagc ttcagaagag gaggaagaaa aggaaagtga agaagccatc240
ctagcagatg atgatgaacc atgcaaaaaa tgtggccttc caaaccatcc tgagctaatt300
60 cttctgtgtg actcttgcca tagtgatgac catactgcct gccttcgccc tcctctgatg360
atcatccag atggagaatg gttctgccc ccttgccaac ataaactgct ctgtgaaaaa420
ttagaggaac agttgcagga tttggatgtt gccttaaga agaaagagcg tgccgaacga480
agaaaagaac gcttggtgta ttttggtatc agtattgaaa acatcattcc tccacaagag540
ccagactttt ctgaagatca agaagaaaag aaaaaagatt caaaaaaatc caaagcaaac600
65 ttgcttgaaa ggaggtcaac aagaacaagg aaatgtataa gctacagatt tgatgagttt660
aatqaagcaa ttgatgaagc tattgaagat gacatcaaa aagccgatgg aggaggagtt720
ggccgaggaa aagatatctc caccatcaca ggtcatcgtg ggaaagacat ctctactatt780
ttggatgaaa aaataataac ggc 803

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 427 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

```

gaagatgagg tggaagaaga gtcaacagct ttgcaaaaaa ctgacaaaaa ggaaattttg 60
aaaaaatcag agaaagatac aaatttctaaa gtaaaaccca aaggcaaagt tcgatggact120
ggttctcgga cacgtggcag atggaaatat tccagcaatg atgaaagtga agggctctggc180
agtgaataat catctgcagc ttcagaagag gaggaagaaa aggaaagtga agaagccatc240
ctagcagatg atgatgaacc atgcaaaaaa tgtggccttc caaaaccatcc tgagctaatt300
cttctgtgtg actcttgcca tagtggatac catactgcct gccttcgccc tcctctgatg360
atcatcccag atggagaatg gttctgccc ccttgccaac ataaactgct ctgtgaaaaa420
ttagaggaaac agttgcagga tttggatggt gccttaaaga agaaagagcg tgccgaacga480
agaaaagaac gcttggtgta tgttggtatc agtattgaaa acatcattcc tccacaagag540
ccagactttt ctgaagatca agaagaaaag aaaaaagatt caaaaaaatc caaagcaaac600
ttgcttgaaa ggaggtcaac aagaacaagg aaatgtataa gctacagatt tgatgagttt660
gatgaagcaa ttgatgaagc tattgaagat gacatcaaag aagccgatgg aggaggagtt720
ggccgaggaa aagatatctc caccatcaca ggtcatcgtg ggaaagacat ctctactatt780
ttggatgaaa aaataataac ggc                                     803

```

35

40

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 828 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

```

15 agcacttcca ggctggggtg tttgtttgga ctggagaagg gaggcggcgg gccaaggcac 60
   gtcgagcggg ggagcggcgc tgctgttgga gatccgogga ggccgacagg attcgttggc120
   tgccgtcccc gctgctgtgc attgggttaa aaacgacaac caacatcagc catgaaagat180
   ccaagtgcga gcagtactag cccaagcatc atcaatgaag atgtgattat taacgggtcat240
20 tctcatgaag atgacaatcc atttgacagag tacatgtgga tggaaaatga agaagaattc300
   aacagacaaa tagaagagga gttatgggaa gaagaattta ttgaacgctg tttccaagaa360
   atgctggaag aggaagaaga gcatgaatgg tttattccag ctcgagatct cccacaaact420
   atggacaaa tccaagacca gttaaatgac cttgttatca gtgatggctc ttctctggaa480
   gatcttgtgg tcaagagcaa tctgaatcca aatgcaaagg agtttggtcc tggggtgaag540
25 tacggaaata tttgagtaga cggggccctc ttttgggtgga tgtagcacia tttccacact600
   gtgaaggcag tattagaaga cttaattgta aaagctctct tgtcactgtg ttacacttat660
   gcattggcaa agtttttggg agtcttgcat gcttaataaa agtgctgaga cacttggttac720
   ctaagtataa agcctgggtc aaaccatttt actgggaaaa taggattggg gccccatggc780
   cttggatggt ggaagaccgc caagggaag gaaccaccag gcccaagt 828

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 552 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

```

60 ttggttttccg ggcgaacca atgtgggagc tgtaatagta agagcttcct aaccaaagct 60
   tggattacc gtgtggggtt tcgttttttt cgtgggtggt tatttgattt tgattttttt120
   ttcttttatg tgatctttgg gaaaacacat tcagaattat atctcgtttc tacttaaatg180
   tagtgcttag ggtaaathtt ttgtactgaa gtctttattg gtgggtgcat gctactggga240
   acaagttttt gtacaaaagc ttcaatcaga atcactgtgc attactgaga ctctgtttat300
65 cactagcctt ctgtccctcc cgcagaagac tgttggttgg aacaaaataa tatgtatttt360
   gatttactta aagtgttgt aaattttotta gggacctgcc acttttgact gtggatcagt420
   tgatgtacac ttgtattatt aaagcactca ataaatcact gtggctgata actgcaaaaa480
   tgggaacocg acatttgctt tgtgtcctgg tgaccgctgt agccctacgt gcagtggagg540
   cttctctaatt tc 552

```


(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 901 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

```

ggcacgagcg gcacgagaga atgagcggta tgaatggacg aaagcgtctt aaagcatatt 60
tgaggaacac tttgacagac caaagggaag taacttggct ttgcttaaca taaattttga120
tataaaacac gacctggatt taatggtgga cacatatatt aaactctata caagtaagtc180
agagcttcct acagataatt ccgaaactgt ggaaaatacc taagagactt ttaaaaaatag240
gctttcttat atttgatatt tggaagaaaa agccgtaagg tgtatgtaga ccacttaatc300
actaaatatac tttgcctata ggactccatt gaatacatta gccattgata atctacctgt360
ttaaatggcc cctgtttgaa ctotcaagct ttgaagacct acctgttctt ccagaagaga420
acgttgaaaag tgccatggtt ccttttgcgt gatctctgtt gatggcactc tggaattgtt480
tcagttaagt catttttagac atagcattta ttatcactgt ggatctctac ttgttgggtg540
ttatgaattc tttgaagaaa tatattttga agaggtgtgg gaggaaggaa tacattttat600
aaaatgttgt agtgaagccc acaattgacc tttgactaat aggagtttta agtatgttaa660
aaatctatac tggacagtta caagaaatta ccggagaaaa gcttgtgagc tcaccaaaca720
aggatttcag tgtaggattt tgtctttctt ggaacttaaa ggacaaat ggacaaagtt780
ttgaatggga aaaggccgcg tgtttgttgc cacatcttcg ttgcccggtt tacattccgt840
tggtagggagc ccacatcttg ccagagcttt ttagccgggt atatggttgg aacacttcgg900
t

```

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 993 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel

55

60

65

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

```

25 gcgggtatttaa tatttaattt atttttttta cttataggto atgttgatgt ctatgataaa 60
   cagatgtttt gcctctgaca gcagaacttc ctttcatttt totcattcgt tttctttggt120
   gggttcattt ttttgaatca accacacttc attattttcta ttaagcaatt tgacaggact180
   gttgtagcct gcagtgtagt aaaccttctc atcgaaaact tttccatctt cccttaaaat240
30 gcttgctaata gtcaaaagtt gttcttgatt cttttgggca ctagaaaatc catcgaaaga300
   ccgtacaaac acagtcattt cggctctatc ttcaatgaag acatctgact ctaaaggcct360
   ggggtggatca aattgctgtt cagagggaat atacaggga atggtaatgg tagactcact420
   aaaaggacct gaaccaggct ccacgtagct tgctactgga gctgtcatct ttattttcat480
   ctctttctcg tttttgcctt gaatgtagct gttcagtttc gtaaagcccg tctggatggc540
35 tgaatcccag tccatagact ccacggacgt gctgaccac ttggctggtc catagtgtcg600
   gatctcataa cttccgggct gggggccggc gtccctccggg gccttccagc ccggcgctctc660
   cacagcttgg gccgcgcgt cctcgccgc cccggggtct ggctggagcg gctcgcccat720
   gggcggcgtg acgctctggg agcctggtca gccgcgcaga ggccccgcac cccgggccgc780
   cccgcctgcg tgtgcgcgcc ccgcccaggc cccgagtccc cctccgcaga cccggtccct840
40 cctcccggcc gggctggaga cccgagccca cccgatgcgt ctgocctctgg accgcgagg900
   ggcgccgcca ccaaggcggg gccggctcac gaccccggac agctccggcc ggagttgcgc960
   gtccctgcccc cgcccccccg cggcgacagg gag                                     993

```

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 2273 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

65 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

5

```

ctgcacctta gaaaaaaaaa gaaaaatcaa aaaaacaaaa aaacaaaaac aaaaaaagaa 60
ggaaaatctt ggaggggtgg cgtgggaact caggacccca gagtggcgag tgggtgtggg 120
agggagagcc tctctccccc ttttctgtgt gagaggaact cttagtgtct ggtgcagcta 180
ttaaatgtgc aatgtgtcaa gtagcttggt ttacacgcta caacatagct catttgtaac 240
ccattgtata agctgtgtat ttacaaatat aacacaacaa ttttaactttt ccttagaata 300
caaaaagtca tgcattgtct ggggaactat atgcttttcc atttttaagt caggactgca 360
atactgattc cagttaatga gcagctaaga tocaatctgt ctaatacagt gaccccctag 420
ccatccgggc ctggcaatat acaatttttt ttccctccca agtttgtaac actccccttc 480
cagaaaggca ttgtgcaaca caggattatt tttaaatgat tctgaatttg aattaacttt 540
ttggagaatt ctgtgatgcc cttagaagaa attggacacg tattgagtgt cacaaagctg 600
gggctgggaa ttgctggtct aatgtttcat tagacttaag aacctaaaat ttttctcagt 660
tgggtggata aaaccactaa cgcttagaaa ctgttttctc atgcagctat gtttctctta 720
tttatgcctt gaggactaat ttctggtttt ctagtgttta atgcactgtt gaccttcata 780
atggtgcctt acgcaagcga tcccttctgt gggggtctca tacaggggtg tgggcgatgc 840
atgctttatt aaggctcttg ttccacctgg cagtgtactg tatcaacgta taatacagaa 900
aaaaaatctc ttttaaggtcc tccttcacaa agacatagag tgaaactccc tttacatgtc 960
agtatttggt caacacttta ggcaacttga ctgtcagtggt taaaatggaa aacaggaaaa 1020
tggaataatc tgaccaattc tgccaccttg agactttcat atagaccttg cacaacaatt 1080
gtatagatca cacaccggct gtatttaata tgtaacattt tcacacatat taaagataca 1140
gaagtattaa aaaaccccca atgttaatgt atttgcttaa aaggcacaag tttcacatat 1200
ctgtctagct atctgttggg aatacagaaa gtatactact tttttaaaaa agtgggcaga 1260
attcttgggt atgtatatat gtgtgtacag tatgtgtatg tgtgtatata tatatattat 1320
atatatagat aatatataaa tatttttttt aaggagaaac tagaatgttt agctagaaaa 1380
ttccacagcc tgtgaagaaa tatttcaaaa tggccataaa ggaggtaaaa atgaaaacca 1440
taacctaaat tttatagagg ctttatcttt aatttaacga tgtgcggagg actttcttgc 1500
ttgaatctgt tccgggctgt ctgctctgtc catcaaattg gcaggtctgg aatggggcac 1560
cttcggccgt tcagaagtgg cctgaacaga atgctggaac ccaggctgga ctcgacacac 1620
ctaaggtttt gattttgaat ttcagcctta ttagaagatc taacctaaag gtaagctaac 1680
cacagggatt cttttgtaga acacttttta tgcagatgaa gctatttttt ccagcaagta 1740
gattcttcca gtttttccaa ggagtaattt cccogaattg gcataccacg gcgtggacag 1800
ctgatatttc acccagctgc tggcttgtgg tgtgtgctct ttgctttata tatatataca 1860
cacatgtgag tctggctggg ctggtatttt gtttgatctt cctggaaatg agcagtgact 1920
aacgctcaca taactggttt tttttttatc tgggctgatg aatacattta cctaagaaac 1980
tcatttcgtt ttacttaaga ggggaagtgc agttttcttt tggcagttca gaatccaagc 2040
acttgatttg ctgggtttgg aaaactcctt ttttggcctt ctatgtgctt agccataaca 2100
attccattaa gcaagaaggt aagcaaaaag caaaaaaaa aaagggaaaa aaaaaaaact 2160
tgcacgggct tgtctcactt acgaaacatg tcggagctgt ttgcctgggt ggggctgggt 2220
accgtacctg tcaatgcctg ggattttcca taaatttagc acgggacata aag 2273

```

10

15

20

25

30

35

40

45

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

(A) LÄNGE: 2391 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55
 60

```

aggcgccctc ttttcattct gcgggaccgc tctaggctgc caccacgccg gctggcccca 60
aaaacttcga tggttgtggg gcggggctgt gacgtccttg gcgtggctgc aggggaggcc 120
gcggcgggga aaatggcgga cgggaaggcg ggagacgaga agcctgaaaa gtgcgagcga 180
gctggagccg ccggaggacc tgaagaagaa gcagaaaaac ctgtgaaaac taagactgtt 240
tcttcagta atggagggga aagttccagt cgcagcgctg agaagcgatc agctgaagaa 300
gaagctgccg acctcccaac aaagcctaca atcagcctca tccatcaaac ttggatcaag taagcctaaa 420
agtcagacga caaagaaagc atcagcctca tccatcaaac ttggatcaag taagcctaaa 420
gaaactgttc caactcttgc tccaaaaaact ctttcagtag cagcagcttt taatgaagat 480
gaagatagt aaccagagga aatgcctcca gaagcaaaga tgaggatgaa gaatattgga 540
agggatacac caacatcagc tggaccaaac tctttcaata aaggaaagca tgggttttct 600
gataaccaga agctgtggga gcgaaatata aaatctcatc ttggaaatgt ccatgaccaa 660
gacaattaaa tgatgttttg aaattggggg gtgggggtgg tgtaaagtta aaaggaacag 720
tttccttttt taaagaatgg tataagacta tctttggagc cgcttttttt ttctttttca 780
tttttttaaa agattgagt gtacactaat aaatgagagt ttgaaattag aggtaattta 840
tgttttatat acagatttca agacatttgc taattttgta gtttcatgtg attagtttcc 900
aaaggttaca gataataaag aaatcagaaa ttggtacctt ttaagaattg catatttttt 960
tagacacaac tattagcaca ttaagaggga agcaaagtta ctgtctattt aaaactgcaa1020
gcagtttaact ctcttaactc ccttattacc taaacttgtc tggctcccag gaacagcctt1080
atagagagag ggagtattgt attgggaaga aaatgttact gaactattga ctgaaagtaa1140
atthagataa aatacagctt ttttccttat gggcatttgt tttgtttcaa gtcatacataa1200
actaggtatt gcattgctat ccgtggatac agacgcttag ctcttaaaaag attttttttt1260
tatgtaaact gttgaatatt tgaatatagc cacttcaact taatgggtct tgtctatctt1320
cattagtctt caaagaaaaa ccatttgcta ccaaagtaaa tcagtatttt gaatgtgctt1380
ctcttgtttt ttgtttatta gctagtctct gtaagcattt ccaccagaac ttgaggcaca1440
tcgtaaggaa gctgtttctt ttaaaacaca aaccaccacc aaaaatttaa atgtacatat1500
tgcttaagta tttggctgtt tttatttttt aaaagggtata aacacaaaaa aaaaaattaa1560
cattgtatga agatggaaaa taagaagatg cactttctgt aactttgtct aaggatttaa1620
attactaact tatgaactcc aatttgaatt gaacttaact atcggtttt ttactggtaa1680
aattatatgg tttattttta atgcgtacat attgaccaat ggctctgaa aaagcacatt1740
ttagatactg aaattgaagg aaagaaaatg catcttcaaa cattttttgg aatctcacca1800
catatacttt gttagatttg tgtattgtag ggtgtttgtt ttgtattttt gtattgtata1860
tgaacttttt ttaaagtga cagttaaaca catcttttaa agcatagtca cagacaaaag1920
catacagtat aaaaatttcc ttgaaaactc ctacaatatt atatttggag gcagcttcag1980
actgttttat tgggtgtagc tgcttgctga ggtcttttag ttggtaataa ctccagagaa2040
gcagcctgtg tatattccta acactttgtt cactagcatt taagttttaga ataagcccaa2100
gtaagacaat ggaaatgtat atagaactct tagttcttac atgatttaat tatatcgata2160
catgaattta acttacttta atgtaggcaa actatcaatt ttttgtccat tttcctgttt2220
gttaaaataa catacctctc ctacgtatta ttttcttgac ccaaataaaa tattaaccta2280
aggtcaagct gggagagaga aatgactgag atgaatgtct ttactaaagt accaataaat2340
ttgtcaaact caaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaggaa gtaaggggag g 2391
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 986 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

25

```

gcgcgatata aacagttgga agagaaaatg gtacagcagt tacaagagga tgtggacatg 60
gaagatgctc cttaaaaatc tctgtaacca tttcttttat gtacatttga aaatgccctt120
tggaactctg gaactgctaa attattttat tttttacata aggtcactta aatgaaaagc180
gattaaaaaga catctttcct gcattgccat ctacataata tcagatatta cggatgttag240
attgcatctc agtggttaaatt cttactgat agatgtactt aagtaaatca tgaaaattct300
acttgtaact atagaagtga attgtggacg taaaatgggt gtgctatttg gataatggca360
ctaggcagca tttgtatagt aactaatggc aaaaattcat ggctagtgat gtataaaaata420
aaatatctct tgcagtaaaa tattcccttt gttaatgtta tagaaggggg gatacaaaaa480
ggaactaaca atttgtatgg cagtgtcaga tatttttatt ttagtatttc ctgttttgg540
ttatttgcat cttagaagag cataatgaca ttgtttgatg aagcctaatt atgctggact600
gttttgacct ggtttaaccc ttctgatagg tagttgtgga tgctggggat gagaactgaa660
taatctttgc ctggagtgc actacactct agaatttcca ctttgagaga tactcagttc720
caacttgtga ttcctgatag aacagacttt acttttctag ccagcattg atctagaagc780
agaggaatcc cagcgccttt taaaagttgt tatgtggttt tcttttaaaa agctcctgtt840
tttggaagt agaatttatg ggtacaacgt atgttcatta tttgtacata aaataaaacc900
atttaaaaag ttaaaaaaga aaaaaaaaag gggggaaaaa aaaagagaaa aaggaaagg960
aaaaagaaaa aggaggggag aagaga                                     986
  
```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

50

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 526 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```

15 gcgtctatat tacatattatt gacactggat atttattatc tgttatatac caggcaaaat 60
   ggacacacca tcaggagata agacctgtat cttacgtgta agatgaaact tatgcaaaag120
   gcacagaaca aattatttgg tcacagttac ttttaactct ttcagcaatg cctgagtcct180
   ctttatagaa acttcatttt gctaagttag caaccattca tttttttggg tactcttcat240
   gtatagtttt ctcaagtgtc tcttcaaata ctgcataatg gtatagacca tttaatattc300
   caaacataat ctgaaagact agaggaatcg ccattaattt catttgtggt tgacaaagcg360
   tcatccaatg gattaaaacc cttccttttg gtggcagtg aacgggatga tacctaaaaa420
20 gaaaaaagag ttaatcacct ctctggata tgaatgctat tagaagtttg ttgacttctc480
   ctaaattgat aattgccttt ctagatctat aatgtagaga gcaaaa 526

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1765 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

```

55 tttttttttt tttttttttt gctgtttttt atttattttg gattgttggtc aaataataat 60
   ttatttttaa aaaatctcaa aacatgttca aacacattca gtagcaaaga tccaccattg 120
   gcacacacat taagaaagca cacacactag gottotagtt gggctaatta aaatctctat 180
   ggctggaaag gtggttggtt gtacttaatt aagctttttt gaagtgcaa gctatgcata 240
60 acagatgagc ttgaaagctg cagagtttaa gatagactta atttttcatg attttcccaa 300
   agccagtcac gatatttatt taatttggg tottcagggg gcaccaatcc catgaagctc 360
   aattggatac ttccactgct ttgtcaggta ttcatctgag aacttgacaa tggtttttgc 420
   ccgaagatcg tagagaccaa gaggtttaag aagttctgac acatctctcc agtctgcggt 480
   tcttgctacc tcagctgaag gatacttctc cagaaacttc caaagcacag gtattgccat 540
65 tttgcctgag gtccgattga gaaatatagt agcgatgaga agcttccatg gatcatgaaa 600
   aagtgtttct tgaacgagat taaaagggtga ccgaggagggt gtccatttct taaaggcttt 660
   acgtcgtggg gggctaagag cttctttggt atatttgctg gaaaaataca ggcttggttt 720

```

ccttctttct	atctgtgttc	gtgggatggt	atcttcagtg	aagtctttcc	tggttggtga	780	
gcagttgttg	tccatttcag	agccacgttt	taaaatgtca	gtatgcaaat	gttctttcct	840	
ttocacaact	tctacttttg	ttccgatttc	ttcagattct	aaaaaggtat	cctcatactt	900	
ctogttgtgt	tctgagtcct	tggctgaaca	aaatttggtt	atgatgccag	aagttttttg	960	5
ttcagaacaa	aaatttgatc	ctgaactcaa	tgatctttct	ttttttttta	caaggctggt	1020	
tttttcaactg	gtcacactga	gggtctcacc	acatgctcca	gcatcagaaa	tgcagacagt	1080	
tctatcaagc	tgactttttt	gtgcaacagg	ttcactttca	gcatctgott	tattacacac	1140	
agattctctt	ttgctatcac	tttgaacaaa	acctgaacag	ctcttcctac	atcctttttt	1200	
agttttctta	attgggattc	ctttcaaaaat	agtcaccttt	cctttgggct	ttctaacctt	1260	10
tctgaagtta	acatcatcaa	cacctcatc	ttctttcaaa	agcaaatgag	tggaagtaaa	1320	
gtagagagt	cctctgctct	cctgcaactc	tgaactacta	cttgggcgga	taaacacatc	1380	
ctttttgcac	ttgcttcggg	tcttgagggt	ccagtttgaa	ttgttacttt	ggttttgtag	1440	
atgggatgtc	agggctgcca	tgctgcagtc	tttatatctt	gacttgatac	cccttttaga	1500	15
aagtacagta	aaatcaaaaat	cttctggcct	aagagaagtc	tctccatttt	tgtgaagata	1560	
attagcaagt	gaacttttgg	atctgaactt	cagtccttgt	gggctagaaa	atgatattaa	1620	
aggaaactta	ctgctagtaa	atagaaggga	cttttaaaaag	aactggacca	catttcagat	1680	
ttctaattaa	tttccaaaatg	ttgccatagg	tatctgtcat	ttaaaaatga	aaaagagtga	1740	
taaatggcac	ttttaaatgg	tttcc				1765	20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 746 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

gtttttttttt	gttttcttta	aatttggtatg	tctctacacc	actcctgatt	tgtaggacta	60	
aatagatcta	tttattccaa	tgcaaatgtg	gtaacattta	tttcttcctt	gatttttaaa	120	
aatacttttag	tattcttaac	tatgtatgtg	ccttctotta	cactgagttc	ttttttgctc	180	
ctttcagctg	ctcacacaat	cctgtctgtt	ggagtcatag	ctgctaattc	catattat	240	
ctctacacac	cttgaacatt	tagtgtatta	ctggtaacct	tctgtgttct	aggaaacaaa	300	
tgaattgcaa	actggacttg	taacaggatc	atacatagag	caacaaatta	gctactggct	360	60
ttgtaagata	gtaagttagg	aatttcacag	tcatgtctcc	aaatttcattg	gcagagttaa	420	
aaaaacaata	taagactgtg	gtaaggtaaa	aacgcaaatg	caatttgogt	tgactaattt	480	
cctaggactt	atttccttat	gtaaaacccc	tgttctttct	ttcctgccac	aagacagggt	540	
acaaagcttt	ctaaaacatg	ctctcagggtg	tccacacctg	agacattgct	ttgtggatac	600	65
tctcaaaggt	gtccacaaaag	caaaaaaatc	agaccaaaatg	ctaagagcaa	gtaacttata	660	
cctcaccacc	tgacatggc	actggcaaaa	gtcacttcag	cattagaaca	gtaatgtttt	720	
tgctaaatta	ctaaaataat	agccgc				746	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 659 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

agcagactca caccagaact acattccctg gccccctgcc tgtgtgcttc tggccaggcc 60
ttgggttgga agtctgaccc gagaaaagga tctgcagaaa atcagactat gggatcactt120
tggtttgtgca ttgggaatga cattctttcc caccocagga aaacctttgg gactttcaga180
gacattgtgg ctagccaacc acatggtcag cctcaaagtt gagaggctca gtaaccctcc240
tatccctaga gaattccaaa gtgtggatgt aatttaacta gaaagccatt ggtgactatc300
tgtgatcctc tggaagtatg ctatgttggtg tatatcttgc atccaaagcc agagggaacc360
acaatgacta gtaaaacggt ggtctcaatg cccacttagc ctctgcctct gaatttgacc420
atagtggcgt tcagctgata gagcgggaag aagaaatatg cattttttat gaaaaataaa480
atatccaaga gaagatgaaa ctaaattggag aaattgaaat acatctactg gaagaaaaga540
tccaattcct gaaaatgaag attgctgaga agcaaagaca aatttggtgtg acccagaaat600
tactgccagc caagaggtcc ctggatgccg acctagctgt gctccaaatt cagttttca 659

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 357 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT: .
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

```

cgcagtgccg agccgtgggg ctctctcctt gtcagtcggc gccgcgtgcg ggctgggtggc 60
tctgtggcag cggcgccggc aggaactccg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcg120
cgccgcgccc ttctccctgg agtaccgagt cttcctcaaa aatgagaaaag gacaatatat180
atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggta aggcctcctt gtttttggac240
acagtctctt tactcagatc agctagttct acatatgaat tttcttatat gtctctcaac300
aagtgcctaa aatgcctcgt tgtgctgtga gtaaagggtct gttgattagg ctggggcg 357

```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

- (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

50

```

cggaggcagc ggaaagccga gccaggcgcc tgcgcgctgg gaagagtagg ttcagagtgc 60
attccggaac ccggggcgcg gcgcactgcg caggcgcccg gactccgctc agtttccggt120
gcggcgaaca ccaaagtccg ggaacttaag cattttcggg ttctagggtt gttacgaagc180
tgacggagcg agatggaggt ggacgcaccg ggtggtgatg gtcgagatgg tctccgggag240
cggcgaggct ttacgcaggg agggaggcag aacttcgatg tgaggcctca gtctggggca300
aatgggcttc ccaaacactc ctactgggtg gacctctggc ttttcatcct ttctgatgtg360
gtggtgttct totttgtgta ttttttgcca tgacttggtc gctgatatct aaattaagaa420
gttggttctt gagtgaattc tgaaaatggc tacaaacttc ttgaataaag aagacaggac480
tctcaataga agaatttcac atctccaagg gaccttcctt ttcattttac actttgttac540
taatttgcag aactctatta attgggtagg atttcaccca ttctagcta agttcttaaa600
attaaaccct ttgggttcgtg tttaaaaact ttcaaacatc tgatggcttt acaggggctg660
aatataaaaag catttgtact taaagggtctt gtgtattcat taagaaatat agtaatgtct720
tttaatgttt taagagttga tcagggttta ctatggatgg caagtaatat ggatgattaa780
taaggggaag gtttttatgg aatttcaaaa gtcaatttat ttcaaaagcg ggggaaagg840
ttttgagagg agggggggcc aagggtgttc tgggggttgc cgagggaggc 890

```

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 651 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

```

gccgtatatt gcatactaca tcagcaaaag gtggttcgggc ttataagcg ggcgctacgc 60
cacctcgagt cgtggtgctt ccagagagac aaataccgat actttgcttg ttgatgaga120
gcccggtttg aagaacataa gaatgaaaag gatatggcga aggccaccca gctgctgaag180
gaggccgagg aagaattctg gtaccgtcag catccacagc catacatctt ccctgactct240
cctgggggca cctcctatga gagatacgat tgctacaagg tcccagaatg gtgcttagat300
gactggcatc cttctgagaa ggcaatgtat cctgattact ttgccaagag agaacagtgg360
aagaaactgc ggagggaag ctgggaacga gaggttaagc agctgcagga ggaaacgcca420
cctggtggtc ctttaactga agctttgccc cctgcccga aggaaggtga tttgccccca480
ctgtggtggt atattgtgac cagaccccg gagcgccca ttagaaga gagagacctc540
atctttcatg cttgcaagt aaatatgtta cagaacatgc acttgcccta ataaaaaatc600
agtgaatgg taaaaaaaaa agtgccattg tagtatgcaa taataagcg c 651

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1256 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

ctcgagccga	attcggctcg	agctttcatc	tgaccatcca	tatccaatgt	tctcatttaa	60	
acattaccca	gcattcattgt	ttataatcag	aaactctggg	ccttctgtct	ggtggcactt	120	15
agagtctttt	gtgccataat	gcagcagtat	ggagggagga	ttttatggag	aaatggggat	180	
agtcttcatg	accacaaata	aataaaggaa	aactaagctg	cattgtgggt	tttgaaaagg	240	
ttattatact	tcttaacaat	tcttttttca	gggacttttc	tagctgtatg	actgttactt	300	
aaactatcta	aaatagagca	ttttgggtatc	tttcatctga	ccatccatat	ccaatgttct	360	
catttaaaca	ttacccagca	tcattgttta	taatcagaaa	ctctggtcct	tctgtctggt	420	20
ggcacttaga	gtcttttgtg	ccataatgca	gcagtatgga	gggaggattt	tatggagaaa	480	
tggggatagt	cttcatgacc	acaaataaat	aaaggaaaac	taagctgcat	tgtgggtttt	540	
gaaaagggtta	ttatacttct	taacaattct	ttttttcagg	gacttttcta	gctgtatgac	600	
tgttacttga	ccttctttga	aaagcattcc	caaaatgctc	tatttttagat	agattaacat	660	25
taaccaacat	aatttttttt	agatcgagtc	agcataaatt	tctaagtcag	cctctagtcg	720	
tggttcatct	ctttcacctg	cattttattt	gggtgtttgtc	tgaagaaagg	aaagaggaaa	780	
gcaaatacga	attgtactat	ttgtaccaaa	tctttgggat	tcattggcaa	ataatttcag	840	
tgtggtgtat	tattaaatag	aaaaaaaaaa	ttttgtttcc	taggttgaag	gtctaattga	900	
tacgtttgac	ttatgatgac	cattttatgca	ctttcaaata	aatttgcttt	caaaataaat	960	30
gaagagcagc	tgtccttctt	tcctctttta	agtgttcagc	tgtggcatgc	tcagagggttc	1020	
ctgctggatt	ccagctggag	cgggtgtgata	cccttctttt	tcagctgttc	gtgccttctc	1080	
ttcttgtatc	caccaaagtg	gagacaaata	catgatctca	aagatacaca	gtacctactt	1140	
aattccagct	gatgggagac	caaagaattt	gcaagtggat	ggtttggtat	cactgtaaat	1200	
aaaaagaggg	cctgggaatt	cttgcgattc	catctctaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaa	1256	35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 694 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```

gtttctaaag gatgtgtaag aaaccagagg taaagggtctc gcgatafctt aagacatccg 60
gcgtagtacg cttcagtgag ccacagcgct agagaagtag gagaagctcg cgagatctgt 120
gcccgttgccg aggagactag gagggggagg agaggggatc tcgcgaaagg aaagagggtcg 180
5 ggagcgctcg cgagatctcg gaccacccaa cctgaaaggt gcttaggaag ttgaaaggcc 240
cagaggaggc ctccgggcaa atggccggag ctggaccgac catgctgcta cgagaagaga 300
atggctgttg cagtcggcgt cagagcagct ccagtgtctg ggattcggac ggagagcgcg 360
aggactcggc ggctgagcgc gcccgacagc agctagaggc gctgctcaac aagactatgc 420
10 gcattcgcac gacagatgga cggacactgg tcggctgctt cctctgcact gaccgtgact 480
gcaatgtcat cctgggctcg gcgcaggagt tcctcaagcc gtcggattcc ttctctgcog 540
gggagccccg tgtgctgggc ctggccatgg taccggaca ccacatcgtt tccattgagg 600
tgcagaggga gagtctgacc gggcctccgt atctctgacc acgatggcgc ttacctttca 660
15 gacttcatta aacttatgac cgaaaaaaa aaaa 694

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1927 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

```

50 gcgagtatTTt atTTTTTTTTt tTTTTTTTTt acagaaattg acotTTtatTTt gttgtactaa 60
agcctgtTTta actTTTTgata caaagtaaca tTTtagtaca gaaaatccca gtctgtcagc 120
tcagtacctg tctgtgcaca ctgtaccatc tcagtccac tctgcctgta acttagaaaa 180
cagccccctac cccagagggt tctgcgagtt aataccttga gaatagtota cagTTTTtca 240
tagTTTgtct gagctagaaa actgttacct gtaaaacaaa ggacagcatt gaggactgaa 300
55 actTgtctct tTTTtgaaca actgtgcaag aaaatatatc cTTTTttaa aaacatcagt 360
tatggctaaa ctacaatcta gtgtctagaa ttacaaagaa taaaatgaaa tcaaagattt 420
ctcgctagta aaatgaaatg ttaggaacag tattaaaata taggtcctac cccaacgaca 480
cttacacaga gccagtgaca gtacctatta ttaacaggac gcatagctta aggaggaacc 540
acatcaaato ttcagccaga catatctagc ctcagaagtg caaaaaaaaa aaaagcccc 600
60 aaacgaagac acccactg agtaggtgc atgccgtgag tgctgtaatc aagattaaaa 660
agacctcagt tTTTctTTTTt agactgttga tagtgacaat aaccattatg cttccoctaa 720
aagctctcaa tTcaatgtct gaaacatgaa tgtTTtcata tcaaaaagaa ctgattgacc 780
tgccaccctc taaaaagttt aagaattacc ctgcaaacat tgcaactgat aaggctgtca 840
65 cgacttacag agcctaagga ggacccaatg gcaggcatca gcacagctga acaccaoctg 900
gacccactg cagccctgcc cacgcagctc tcacggagca gacacagtcc tcaagtaata 960
agcacagatg gaggagaaac gagaggctgt ggaaggcagg agagaaaggc cgagagacga 1020
gtttgtaaga atgccaaagt caccttcccc attgtgggag gaaaatgcca aaggcactgg 1080

```

```

ttctgctgcc acaggcagtc tgagcacctg gagttgtgac gtccctccag gagaggtgcc1140
accaaggagc aggaggtttg tcaaagctct ggtcccacca acaagaacct cccaaagcaa1200
agcagccccc attgaggttc caaggtcggt ttgctgaaga cgggaacgaa accaacacca1260
aagcgacagg ggggttgacag aggggacagg ggctgggcac cggcaacatg gagccgttca1320
agtaaacata aaccaccaa tacttagaaa aggcctgtaa acgagtgatc cgaaagggtc1380
tctttgcagc atctctgatc agctggctaa agaaagggtg gtgctgaacc cgtctttagt1440
gttatctgtt ttgtgttaaa gcacacgtgt gacacgggca gagtgtgtgg gcctgggcct1500
ggatcgacag cagccgtggc cctctgtcta caaaggaggt gcttctgggt cctggttccg1560
gatccttccc ccgcatgttc atagacggac agacttctac tttcagtcgc tagaaaagag1620
ctgagtctgg tgtccctcca ggcgccagc tgcagtcac cacagcacag cattctccta1680
gagcgggcag gctggaatcc acaggacttt attttgttct tgattgacca ttgccaagat1740
ctgagtgcaa atgcttgaca gggctcctcc ctggatgacc cctgcaaaa agccccccag1800
acacgtcatt cagctcagag taagaccca ggtttgaggc aaggcagtag agcttgcaact1860
ctttctactg tgtggctgtc tgctttgtgc tccttggcac totgctccat ccccaacctga1920
ctctcct
1927

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 672 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

```

gcctttttat tttttttttt tggctgttat gctgcattta ttatgagaat caacagtcaa 60
cagttaatga ttgactaact cttgttggtc actctggaca ttaacgaaaa agactggaat120
agggctacag cgctgctttt atgctacacg gggttatgctt ggactctgac tcccagcagc180
aggtagattc aggaattcat ggcagtgaca ttcacatca tgggaaacac cttccctttt240
cttcaggatt ctctgtagtg gaagagagca cccagtgttg ggctgaaaac atctgaaagt300
agggagaaga acctaaaata atcagtatct cagagggctc taagggtgcca agaagtctca360
ctggacattt aagtgccaac aaaggcatac tttcggaatc gccaaagtcaa aactttctaa420
cttctgtctc tctcagagac aagttagact caagagtcta ctgctttagt ggcaactaca480
gaaaactggg tttaaccaga aaaacaggag caattagaaa tggttccaat atttcaaagc540
tcgcgaaaca ggatgtgctt tcctttgccc atttaggggt tcttctcttt ctttctcttt600
tgtttagtct tcttctcttt tttcagtttc catcagatct cccctcgtg ccactggaat660
ctcagaggtt gc
672

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 269 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

```
ccgcataccta gccgccgact cacacaaggc aggtgggtga ggaaatocag agttgccatg 60
gagaaaattc cagtgtcagc attcttgcgc cttgtggcgc tctctacaa tctggccagg120
gatagcacag tcaaacctgg agccaaaaag gacaggaagg agtctcgagc caaactgcgc180
cagaccctct ccagaagttg ggtgaacaa ctcattctgga ctcagacgta tgaagaagct240
ctatataaat cgagactagc aactaacc 269
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 604 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

```

tgcgagggcg ggatagctgt ccaaggtctc ccccagcact gaggagctcg cctgctgccc 60
tcttgccgcgc gggaagcagc accaagttca cggccaacgc cttggcacta ggggccagaa120
tggttacaac agtccctgat ggttgccgca atggcctgaa atccaagtac tacagacttt180
gtgataaggc tgaagcttgg ggcacgtcc tagaaacggg ggccacagcc ggggttgtga240
cctcggtggc cttcatgctc actctccoga tcctcgtctg caaggtgcag gactccaaca300
ggcgaaaaat gctgcctact cagtttctct tcctcctggg tgtgttgggc atctttggcc360
tcaccttcgc cttcatcatc ggactggacg ggagcacagg gccacacgc ttcttcctct420
ttgggatcct cttttccatc tgcttctcct gcctgctggc toatgctgtc agtctgacca480
agctcgtccg ggggaggaag cccctttccc ggttgggtgat tctgggtctg gccgtgggct540
tcagcctagt ccaggatgtt atcgctattg aatatattgt cctgacgatg aataggacca600
aggt
604

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 781 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

```

ctttaatgtg cctagagcaa tggaatgggg cactttgggg gcggtggaat tcaagacgct 60
ctggctgaag attcagaagt atctggtaac tctcttttcc ttotgggcat cctctcctct120
gttctaatacc tcccttacac tcattccttg tccattgtat totgaccaca tccttaatca180
tggtcaaaac tattgagtcc tgggcacatt ggatcatgaag gaacaagaag gcaatgagag240
actctcatgc caaccactgc cctgaaagcc ctgctgttca gacagcaaag gggccagcac300
tggccaagct cttatgcttg ctctgaaacc ttcttgggag gagtcaatag ggtctccttt360
tgaaagtgtc cctggccttt tgagaaagca gtgtgggtga gggagatggg tctggcaggg420
gccgtgaatg gttgttttct acttgggatt tctttcctgc tttaggagat ctattgggaa480
actgattata accactcggg caccatcgat gccacgaga tgaggacagc cctcaggaag540
gcaggtttca ccctcaacag ccagggtcag cagaccattg ccctgcggtg tgcgtgcagc600
aagcttggca tcaactttga cagcttctgt gcttgtatga tccgcctgga gaccctcttc660
aaactattca gccttctgga cgaagacaag gatggcatgg ttcagctctc tctggccgag720
tggtctgtgt gcgtgttggg ctgacccgcc aaacttgacc tagaagatgg ggggggcctc780
c
781

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 304 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

i) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

```

ggccactgcg gcgagacgcg aggaactgtc gctcgtaactc gtgcgcctcg ctttgctttt 60
cctccgcaac catgtctgac aaacccgata tggctgagat cgagaaattc gataagtcga120
aactgaagaa gacagagacg caagagaaaa atccactgcc ttccaaagaa acgattgaac180
aggagaagca agcaggcgaa tcgtaaggag gcgtgcgcgcg ccaagtatgc actgagatgc240
gagaagtgtt gcgtcgaatt tacctgcttg aggggggtaaa gttgggaagg tggaaaagg300
gtgg                                     304
    
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1528 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

aattcggatc	catgggccac	agtggatggc	ttgaaatgtg	gctgagcget	tcggacactt	60
cggtatccatg	gtggccaccc	caagacgcgc	cccagcccg	catggcccg	atcctccggg	120
atcctgcctt	ctgtccctgc	tcctggccgg	gtttgttccg	ccggcccg	gacaagagaa	180
gtctaagaca	gactgccatg	goggtatgag	tggtaccatc	tacgagtatg	gagccctcac	240
catcgatggg	gaggaataca	ttccttttaa	gcagtatgca	ggcaaatata	tcctctttgt	300
caacgtagcc	agctactgag	gtctgacaga	ccaatacctt	gaactgaatg	cactacaaga	360
agaacttggg	ccatttggct	tggtcattct	gggttccct	tccaaccaat	ttggcaaaaca	420
ggagccaggc	gagaactcgg	agatactccc	cagtctcaag	tatgttcgac	caggtggggg	480
ctttgtgcct	aatttccagc	tctttgagaa	aggagatgtg	aacggggaga	aagagcagaa	540
attctacact	ttcctgaaga	actcctgccc	tcccactgca	gaactcctgg	gctcacctgg	600
ccgcctcttt	tgggaaccca	tgaagatcca	tgacatccgc	tggaaactttg	agaagtctct	660
ggtggggcca	gatggcatac	cggttatgog	ctggtaccac	cggaccacag	tcagcaacgt	720
caagatggac	atcctgtctt	acatgaggcg	gcaggcagcc	ctgagcgcca	gggggaagta	780
actgatgcc	ccacocctacc	cctacccctt	gcccacatg	caagggcgga	ggaggggctc	840
ttcaggaagg	aagccacatt	cccagtcatt	ctacccccac	cccagattct	ctttcttatt	900
acataaaaaga	caagcctggc	acaactgtgt	gtctgaacca	ctgtggacac	gtgacaattg	960
tcccagtgtg	tgcatggcta	cacagccacg	tatctgcctg	cttgaaaacc	agggatggctc	1020
catctgtgtt	tacggcttgg	cacaaccccc	tcataattttt	ttcagctttc	tgttccaaat	1080
gagcccaaag	gaaacacaag	ttctaggtcc	aatggttctg	ctcaaacctg	aacatcatttc	1140
ttggggccag	catctccac	atgccacac	tacacaccac	cagcctcctt	cttccttctc	1200
gaaggacctt	cctgagcccc	caagcccatc	ccacagtgtc	cctgagacca	gccaaagaca	1260
ctgtgagcgc	gatggccgtg	taccccaggt	caggggtggg	gtctctatga	aggaggggccc	1320
cgaagccctt	gtgggcgggc	ctcccctgag	cccgtctgtg	gtgccagccc	ttagtgcattt	1380
caggcttagg	ctcccaggca	gggacactac	cccgcgcct	ctggaggaca	tgctatcctc	1440
tcactctgtc	cactgggtatc	tcaacacccc	catctgccc	gtaaaggtct	ttctgcagca	1500
aaaaaaaaa	agaaaaaaa	aaaaaaaaa				1528

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 499 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

ggcaggtctc	agcgtctctc	ccctgtctcc	gctcctctgc	agggcccagg	cgccttggc	60
cttaggaccc	aacttctctt	acggccatgg	agtctgaact	gggagcagcc	ctggagccca	120
cctcccagaa	gcccgggtgtg	ggggcgggcc	acggggggaga	tcccaagctc	agtcaccaca	180
aagttcaggg	cgggtcggag	gcaggggagc	gtccgggtcc	aaagcaagga	caccacagct	240
cttcgactc	cagcagcagc	tccagcgatt	cggacacgga	tgtgaagtcc	cacgctgctg	300
gctccaagca	gcacgagagc	atcccgggca	aggccaagaa	gcccaaagtg	aagaagaagg	360
agaagggcaa	gaaggagaag	ggcaagaaga	aggaggctcc	ccactgaagg	gcccctggaca	420
gggtcattta	aaccttctct	tctgctctac	agtaccaaac	acctggagct	aagatgctta	480
ggtggggggg	ggccgcgga					499

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1396 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

```

35 gggcaccggt tagttgggaa cagcggaaacg ctggtcccggt ggactgagta aggtgtctgg 60
   atcggaggga ggttcgggtg ggcacgggc ggctggaaga gctcgactcg tcccgctggg 120
   aaagcgcgag tctgagtggg accctggagc acttgcagag cggtggcgcg agtcatggcg 180
   gactactgga agtcacagcc aaagaaattc tgtgattact gcaagtgctg gatagcagac 240
   aataggccta gtgttgaatt tcatgaaaga ggaaagaatc ataaggaaaa tgtggcaaaa 300
   aggatcagtg agattaaaca gaaaagcctg gataaggcaa aggaagaaga aaaggcatca 360
40 aaggagtttg ctgcaatgga ggcagctgcc ctgaaagcat accaagagga tttgaaaaga 420
   cttggccttag agtcagaaat tttggagcca agcataaacac cagtaaccag cactatccca 480
   cctacctcga catcaaatca acagaaagaa agaagaaaaa aagatccttc 540
   aaagggcaga tgggtagaag gcataacctc tgagggttac cattactatt atgatcttat 600
   ctcaggagca tctcagtggg agaaacctga aggatttcaa ggagacttaa aaaagacagc 660
45 agtgaagacc gtttgggtag aaggtttaag tgaagatggg tttacctatt actataatac 720
   agaaacagga gaatccagat gggagaaacc tgatgatttc attccacaca ctagtgatct 780
   gccttctagt aaggccaatg aaaattcact tggcacccta gatgaatcca aatcatcaga 840
   ttgcgatagt gattctgatg gggaacagga agcagaagaa ggaggggtct ctacagagac 900
50 agaaaaagcca aaaataaagt ttaaggaaaa aaataaaaaat agtgatggag gaagtgaccc 960
   agaaacacag aaagaaaaaa gtattcagaa acagaattca ttaggttcaa atgaagaaa1020
   atcgaaaact cttagaagaa caaacccata tgagaaatgg caagaaatta aacaagaggt1080
   tgagtctcat gaggaggtag atttggaact tccaagcact gaaaatgagt atgtatcaac1140
   ttcagaagct gatgggtggc gagaacccaa agtggatatt aaagaaaaaa cagtcacttc1200
55 tcttggagtt atggcagatg gagtggcccc agtcttcaaa aagagaagaa cttgaaaatg1260
   ggaaaatctt aggaaaatth aagggcaacg aggtgatgat ccaatagttt gcaggagag1320
   cttttttgtt acatgctttt tagggaccag aatggggaga cttttttgcca ccccccaagt1380
   ttgtcccggt ttttgtt                                     1396

```

60

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

65

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1018 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

30

```

caagtaaattg cagcactagt ggggtgggatt gaggctatgc cctgggtgcat aaatagagac 60
tcagctgtgc tggcacactc agaagcttga ccgcatccta gccgcgcact cacacaaggc 120
aggtgggtga ggaaatccag agttgccatg gagaaaattc cagtgtcagc attcttgctc 180
cttgtggccc tctcctacac tctggccaga gataccacag tcaaacctgg agccaaaaag 240
gacacaaaagg actctcgacc caaactgccc cagaccctct ccagagggtt ggggtgaccaa 300
ctcatctgga ctccagacata tgaagaagct ctatataaat ccaagacaag caacaaaccc 360
ttgatgatta ttcatacatt ggatgagtgc ccacacagtc aagcttttaa gaaagtgttt 420
gctgaaaata aagaaatcca gaaattggca gagcagtttg tctcctcaa tctggtttat 480
gaaacaactg acaaacacct ttctcctgat ggccagtatg tccccaggat tatgtttgtt 540
gacccatctc tgacagttag agccgatatc actggaagat attcaaaccg tctctatgct 600
tacgaacctg cagatacagc tctgttgctt gacaacatga agaaagctct caagttgctg 660
aagactgaat tgtaaagaaa aaaaatctcc aagcccttct gtctgtcagg ctttgagact 720
tgaaaccaga agaagtgtga gaagactggc tagtgtggaa gcatagtga cactactgatt 780
aggttatggt ttaatgttac aacaactatt ttttaagaaa aacaagtttt agaaatttgg 840
tttcaagtgt acatgtgtga aaacaatatt gtatactacc atagtgagcc atgattttct 900
aaaaaaaaa ataaatgttt tgggggtgtt ctgttttctc caaaaaaaaa aaaaaaaaaa 960
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaattgcccc caagggggacg gggttacaatt ggggggacg 1018

```

35

40

45

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 808 Basenpaare

55

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

```

cctctgtcca ctgcttttct gaagacaaga tgaagttcac aattgtcttt gctggacttc 60
ttggagtctt tctagctcct gccctagcta actataatat caacgtcaat gatgacaaca120
acaatgctgg aagtgggcag cagtcagtga gtgtcaacaa tgaacacaat gtggccaatg180
20 ttgacaataa caacggatgg gactcctgga attccatctg ggattatgga aatggctttg240
ctgcaaccag actcttttcaa aagaagacat gcattgtgca caaaatgaac aaggaagtca300
tgccctccat tcaatccctt gatgcactgg tcaaggaaaa gaagcttcag ggtaaggac360
caggaggacc acctcccaag ggctgatgt actcagtcac cccaaacaaa gtogatgacc420
tgagcaagtt cggaaaaaac attgcaaaca tgtgtcgtgg gattccaaca tacatggctg480
25 aggagatgca agaggcaagc ctgttttttt actcaggaac gtgtacacg accagtgtac540
tatggattgt ggacatttcc ttctgtggag acacggtgga gaactaaaca atttttttaa600
gccactatgg atttagtcat ctgaatatgc tgtgcagaaa aaatatgggc tccagtgggt660
tttaccatgt cattctgaaa tttttctcta ctagttatgt ttgatttctt taagtttcaa720
30 taaaatcatt tagcattgaa acggagaact ctgcgggcta gtaaccacaa ggtacggagc780
aaagatcacc caggtgggaa gaggtgga                                     808

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1139 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

```

tttttttttt tttttttttt ttttttgcag caatacctcc tttatttgat cctgttttat 60
gtccacatat gtactgtatt atcacagatg caactgattt atcatagagc actcagaaaa 120

```

tttttttttt	tttttttttt	ttttttgcag	caatacctcc	tttatttgat	ccctgtttat	60	
gtccacatat	gtactgtatt	atcacagatg	caactgattt	atcatagagc	actcagaaaa	120	
catggaaaaag	tattttttaa	aatcgaataa	tcctatlcaa	gtcaaaccagt	gttaaccccg	180	
gtgtgcttcc	tgccagtgctg	ttcctcccca	tgggagtcac	acaaaatgaa	aatctcctag	240	5
aaagagaaaat	tcctctgtcc	tctgacttct	tcacttagta	cgctgcgacc	ttcccatggt	300	
gttcaacatc	ctcaactcgg	agcgtcactg	gctggaggtg	gtctataaat	ggaattggct	360	
taactatctc	ttcactgaaa	gggtggacatt	tagggagtgt	ccagttttca	gctgtcataa	420	
acaactgcct	tagacggcaa	agaattcaca	ggtcaatcgt	tcctctcgct	ttgaacttct	480	
tcgcagaccg	ttcacttgac	cgaagctgga	atttgctccc	gtaaatgtag	gaaataaagc	540	10
catcggtttc	cacagtgaac	acgcagttta	gcttggggat	aactttcagg	cggtcttctt	600	
tggtgataat	tttgaaaatg	tgctttgttt	cctgtagaag	gattcctgta	ataccacat	660	
aagaggggca	tttggatttt	gtcactgaaa	taatagcccc	gtgaagatct	gcctttaaga	720	
gcttggcctg	aatcatctgt	ggctgcgtgt	ctggcttgag	ccactgcac	aggtccctga	780	
tgtactgttt	ccagagttca	tggagaggga	ggaaaaggct	gtatctctgc	tgctctgggt	840	15
taatgtcaaa	gagccgcagc	tccttccttt	gcctggcaga	gaagcctttg	gctttcttct	900	
tcttctcctt	gcgcttggtg	cgggtgaagt	actccaggac	caccgccttg	cgctgcagct	960	
ggtcctcgcg	ggcctgcggg	ctcatgcggg	gcgtctgcgc	ttcaggaagg	ccctcacgaa	1020	
ggcctcggcc	cgctgtgctc	ctgaaggctg	gacatcgag	tcattcgctt	ctttctgaga	1080	20
caatgcattg	tagatcacac	tcttcattct	cggaccgctt	ccggcgctct	ctgatgacg	1139	

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2177 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

gcccacgcgt	cgggtcgccg	cgggcagcga	acagcagcag	cagtcagcct	tcattcagga	60	
aagacagcca	gttgctctca	tgcgttttatt	gtctttcaat	gtgcctcata	ttaaaaacag	120	
cacaggagaa	ccaatatgga	aggtactcat	ttatgacaga	tttggccaag	atataatctc	180	
tcctctgcta	tctgtgaagg	agctaagaga	catgggaatc	actctgcata	tgctttttaca	240	
ctctgatcga	gacactatcc	cagatgttcc	tcagatatac	tttgtaatgc	caactgaaga	300	
aaatattgac	agaatgtgcc	aggatcttcg	aaatcaacta	tatgaatcat	attattttaa	360	60
ttttatttct	gctattttcaa	gaagtaaaact	ggaagatatt	gcaaatagcag	cgtttagcagc	420	
tagtgacagta	acacaagtag	ccaaggtttt	tgaccaatat	ctcaatttta	ttacttttga	480	
agatgatatg	tttgatttat	gtaataaaaa	taaggagctt	gtttcataatc	gtgccattaa	540	
caggccagat	atcacagaca	cggaaatgga	aactgttatg	gacactatag	ttgacagcct	600	
cttctgcctt	tttggttactc	tgggtgctgt	tcctataaatc	agatgttcaa	gaggaacagc	660	65
agcagaaaatg	gtagcagtg	aactagacaa	gaaacttcga	gaaaatctaa	gagatgcaag	720	
aaacagtctt	tttacagggtg	atacacttgg	agctggccaa	ttcagcttcc	agaggccctt	780	
attagtcctt	gttgacagaa	acatagattt	ggcaactcct	ttacatcata	cttggacata	840	

```

tcaagcattg gtgcacgatg tactggattt ccattttaaac aggggttaatt tggaagaatc 900
ttcaggagtg gaaaactctc cagctgggtg tagaccaaaag agaaaaaaca agaagtctta 960
tgattttaact ccggttgata aatttttgga aaaacataaa ggaagtccat tcccagaagt1020
5   tgcagaatca gttcagcaag aactagaatc ttacagagca caggaagatg aggtcaaacg1080
    acttaaaagc attatgggac tagaagggga agatgaagga gccataagta tgctttctga1140
    caataccgct aagctaacat cagctgttag ttctttgcca gaactccttg agaaaaaaag1200
    acttattgat ctccatacaa atgttgccac tgctgtttta gaacatataa aggcaagaaa1260
10  attggatgta tattttgaat atgaagaaaa aataatgagc aaaactactc tggataaatc1320
    tcttctagat ataatatcag accctgatgc aggaactcca gaagataaaa tgaggttggt1380
    tcttatctat tatataagca cacagcaagc accttctgag gctgatttgg agcaatataa1440
    aaaagcttta actgatgcag gatgcaacct taatccttta caatatatca aacagtggaa1500
    ggctttttacc aagatggcct cagctocggc cagctatggc agcactacca ctaaaccaat1560
15  ggggtctttta tcacgagtc aataacagg atcacagttt gtgatggaag gagtgaagaa1620
    cctgggttttg aaacagcaaa atctacctgt tactcgtatt ttggacaatc ttatggagat1680
    gaagtcaaac ccgaaactg atgactatag atattttgat cccaaaatgc tgcggggcaa1740
    tgacagctca gttcccagaa ataaaaatcc attccaagag gccattgttt ttgtggtggg1800
    aggaggcaac tacattgaat atcagaatct tgttgactac ataaagggga aacaaggcaa1860
20  acacatttta tatggctgca gtgagctttt taatgctaca cagttcataa aacagttgtc1920
    acaacttgga caaaagtaac acagaagaac cttactatga taatctactt ggaatgtgga1980
    taaatgtaaa aagaagaaaa gttagaagag caatatgttt ctttctctgt aacagtgtcc2040
    taacagtgaa aatcagagtt atttgttaat ttttaaggaa attatatact taatatgtat2100
25  tgattaaaag aaacatttca gaaataaaat ttcaacattg taacaaaaaa gtcggctacc2160
    tacacggata atatcgc                                     2177

```

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 402 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

```

60  ggccgcaggcc ccagccagct caggctacac tatcccagga tcagcatggc cgtccgccag 60
    tgggtaaatcg ccctggcctt ggctgccctc cttgttgtgg acagggaagt gccagtggca120
    gcaggaaaagc tccctttctc aagaatgccc atctgtgaac acatggtaga gtctccaacc180
65  tgttcccaga tgtccaaact ggtctgcggc actgatgggc tcacatatac gaatgaatgc240
    cagctctgct tggcccgat aaaaaccaa caggacatcc agatcatgaa agatggcaaa300
    tgctgatccc acaggagcac ctcaagccat gaagtgtcag ctggagaaca gtggtgggca360
    tggagaggat atgacatgaa ataaaagatc cagcccaact ga                                     402

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1349 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

cttctttttgc catcccatTTt ccttggcact gcaccatttc cccaattatt ggccaatccc 60
taggcttttct gggtttttaca atggttgcga ccacaatcag gctcatagat ggctccaatt 120
taaaaaaaaaa ggtaatgggtg atggataaaa taagcagatc aagggaagtg tgctatcata 180
aaataactgt agcttcaaca tcttgagtac cagtttctctg gcagatagta aacatccaat 240
cacaagggat ttttcttgaa ggggtgtaaag ctggtttgaa aattcttcag tcacagagca 300
gcctacacat gcccaattaga aactgacaga cactagatgt gcttggaaga ttaaactacta 360
cgtacagaaa cagcagttac taagctctctc agtagtttct tgtctttttt aagtctcgct 420
gaatcgacag tttgcacaac gtgctatat ctgtgggtca aaaccaagta aatactgtgt 480
aaagttggca gattttttcca gctaagatca agaaaaaaca aattttctga taaaacaggt 540
ttagagtcag aaacactctc taaagtgcaa aactgatggg ccacgatctc aaatagctaa 600
aactcctgca gaatggaagg gagagacgtg aaacagggaa ataaattaca gtcagtgtct 660
gttaattttag gaaaagggaa aaataaacca aactcaagtc ggtaaagttt atcaaaatat 720
tcaatgatgt agctttcccc actctctgtc acacacgctt gctaacaagt atattaaatt 780
aaggccaaat ttaacctgaa tgcgtttttt tttttctttt tattaagatc tgagatagga 840
acggtcatac ttagtactga aaggcagaca ataaaatggg ccatgaaagg ggggggaaag 900
gtactgtcta ttgttcgagg gattcaacca gagataaaac ctatatacaa gcatgtgtgt 960
agctcgaaat aaaaataaaa ggactatttc atgtcatgac tgcttggttg ctctctcttc1020
atatgcattc cctgtgccat tctgtacata ggatgaacca gaaccaaggc catacaaatg1080
accacaatat ttggcatcat caatatgatc ttcaaagaac atttctctca ttttgaaaaa1140
ggccattcct gtgagcaatg aatcagatcc tgcctgatgt tgtggctcta tcogttccag1200
ctctaactgt tctgccacct cctgtaatcc accttgaga ttttctctgt catttatgat1260
gtgaagtacc tcatgaagag ctgcaaaaat ctctaactgt tctgccacct cctgtaattg1320
cgagtcagtg attgaacgaa taatagtgc 1349

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3552 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

25
 atttaaatctt cattctttcta ctatccccc aa tctaatttc aatatcaaac ctaattaaac 60
 acatcaactt cccactgtac accaccacat caatcaaatt ctcccttcatt attagcctct 120
 tacccttatt aatatTTTTt cacaataata tagaatatat aattacaacc tggcactgag 180
 30 tcaccataaa ttcaatagaa cttaaaataa gcttcaaaac tgactTTTTt tctatcctgt 240
 ttacatctgt agccctTTTT gtcacatgat caattatata attctcttca tgatatatac 300
 actcagaccc aaacatcaat cgattcatta aatatcttac actattcctg attaccatgc 360
 ttatcctcac ctgagccaac aacatatttc aacttttcat tggctgagaa ggggtgggaa 420
 ttatatcttt cctactaatt ggatgatggg acggacgaac agacgcaaat actgcagccc 480
 35 tacaagcaat cctctataac cgcatcggag acatcggatt catTTtagct atagtttgat 540
 tttccctaaa cataaactca tgagaacttc aacagattat attctccaac aacaacgaca 600
 atctaattcc acttataggc ctattaatcg cagctacagg aaaatcagca caatttggcc 660
 tccacccatg actaccatca gcaatagaag gccctacacc agtttcagca ctactacact 720
 40 caagtacaat agtagttgca ggaattttcc tactgggtccg attccaacccc ctacagacta 780
 ataataactt tattttaaca actatacttt gcctcggagc cctaaccaca ttatttacag 840
 ctatttgtgc totcacccaa aacgacatca aaaaaatcat tgccctctct acatcaagcc 900
 aactaggcct gataatagtg acgctaggaa taaaccaacc acacctagca ttcctacaca 960
 tctgtaccca cgcattcttc aaagctatac tctttatatg ctctgggtca atcattcata1020
 45 gcctggcgaga cgaacaagac atccgaaaaa taggaaacat cacaaaaatc ataccattca1080
 catcatcatg cctagtaatc ggaagcctcg ccctcacagg aataccattc ctaacaggggt1140
 tctactcaaa agacctaatt attgaagcaa ttaatacctg caacaccaac gcctgagccc1200
 tactaattac actaatcgcc acttctataa cagctatgta cagcatacga atcatttact1260
 togtaaacat aacaaaaccg cgttttcccc ccctaattct cattaacgaa aatgacccag1320
 50 acctcataaa cccaatcaaa cgcctagcat tcggaagcat ctttgcagga tttgtcatct1380
 catataatat tccaccaacc agcattccag tcttcacaat accatgattt ttaaaaacca1440
 cagccctaatt tatttcagta ttaggattcc taatcgcact agaactaaac aacctaaaca1500
 taaaactatc aataaataaa gcaaatccat attcatcctt ctcaacttta ctgggggtttt1560
 tcccatctat tattcaacgc attacacca taaaatctct caacctaaagc ctaaaaacat1620
 55 ccctaactct cctagacttg atctggttag aaaaaaccat cccaaaatcc acctcaactc1680
 ttcacacaaa cataaccact ttaacaacca accaaaaagg cttaattaaa ttgtacttta1740
 tatcatctct aattaacatc atcttaatta ttatcttata ctcaattaat ctcgagtaat1800
 ctcgataata ataaaaatac ccgcaaacaa agatcaccca gctactacca tcattcaagt1860
 60 agcacaaacta tatattgccc ctaccccaat ccctccttcc aacataactc caacatcatc1920
 aacctcatac atcaaccaat ctcccaaac atcaagatta attactcaa cttcatcata1980
 ataattaagc acacaaatta aaaaaacctc tataatcacc cccaatacta aaaaacccaa2040
 aattaatcag ttagatcccc aagtctctgg atattcctca gtagctatag cagtcgtata2100
 tccaaacaca accaaccatcc cccctaaata aattaaaaaa actattaaac ctaaaaacga2160
 65 tccaccaaac cctaaaacca ttaaacaccc aacaagacca ctaacaatta aacctaaacc2220
 tccataaata ggtgaaggct ttaatgctaa cccaagacaa ccaaccacaa ataatgaact2280
 taaaacaaaa atataattat tcattatttc tacacagcat tcaactgcga ccaatgacat2340


```

gaaaaatcat cgttgtaatt caactacaga aacaccatto ggatccatga aaaacacacc2400
cattatntaa aattattaac cactcattca ttgacctacc tgcccatcc aacatttcat2460
catgatgaaa ctttggggtcc cttctaggag tctgcctaata agtccaaatc attacagggtc2520
ttttcttagc catacactac acatcagata caataacagc cttttcatca gtaacacaca2580
tttgtcgaga cgtaaattac ggggtgactaa tccgatatat acacgcaaac ggagcctcaa2640
tattttttat ttgcttatto cttcatgtcg gacgaggctt atattatgga tcatatacat2700
ttatagaaac ctgaaacatt ggagtacttc tactgttcgc agtcatagcc acagcattta2760
taggctacgt ccttccatga ggacaaatat cattctgagg tgccacagtt attacaaacc2820
tcctatcagc catcccatat attggaacaa ccctagtcga atgaatttga gggggcttct2880
cagtagacaa agccaccttg acccgattct tcgctttcca cttcatctta ccatttatta2940
tcgcggccct agcaatcggt cacctcctct tcctccacga aacaggatca aacaacccaa3000
caggattaaa ctcagatgca gataaaattc catttcaccc ctactatata atcaaagata3060
tcctagggtat cctaatacata ttcttaattc tcataaccct agtattatnt ttcccagaca3120
tactaggaga cccagacaac tacataccag ctaatccact aaacacccca ccccatatta3180
aaccggaatg atatttccta tttgcatacg ccattctacg ctcaatcccc aataaactag3240
gaggtgtcct agccttaatc ttatctatcc taatttttagc cctaataacct ttcttcata3300
cctcaaagca acgaagccta atattccgcc caatcacaca aattttgtac tgaatcctag3360
tagccaacct acttatctta acctgaattg ggggccaaac agtagaacac ccatttatta3420
tcattggcca actagcctcc atctcatact tctcaatcat cttaattott ataccaatct3480
caggaattat cgaagacaaa atactaaat tatatccata aaaaaaaaaac acgatcggtt3540
gacatatagg gc
3552

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 601 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

```

tttttttttt tttttttttt tgcaattcaa atgaacgttt atttcttaaa cccacacaga 60
gtaagggcag agcttagaga tgcctggcac agcatttctc atccaggatc acttctctgt120
tctttcttct ttgtctggag catcttagat ttatatcatt ttctacaaag acaatatcct180
gaatggcagt cgcaggttta tttcaaagtt ggagtcttct caggaaagtag gggagactgg240
attcccagct aatggaattt tcaactgtgat gtctgtgttc tcagtgaatt cttccagaaa300
gccggaggag actgtctcaa catcagtaga gaactcagaa ttctgtttgt ttgoggctgg360
cgtgaagtcc atgatctgct cagagtcagt gcttaaatca tcatctgtat aatcctctag420
aggagctttt gtccctctgt atgatcccag ttggtaaag actgagttta gtaggtcaat480
gattgaattc tgtagttctt tattgattga aactaattct gacaggggga aagccacagt540
cagaccacag aagacagtga tcaccaggac cttgaaaagc atcatgtctt agtaggggta600
a
601

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2147 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

```

agaaggggaa caaaaaaaaa aatatctgaa ttttgaaaaa ccacaaagct acaacactga 60
cctctctttt tttttgagac ggagttttgc tcttggtacc caggctggag tgcagtggcg 120
tgatcttggc tcaactgcaac ttccgtctcc cgggttcaag tgattctoct gcctcagcct 180
cccaagtagc tgggtttata ggtgccgcc accagaccgc gctaattttt tagttttagt 240
agagacgggg tttcaccacg ttggccaggc tggctctaaa tgacctctt atttttaact 300
tggtacactg ctattctgcc aaaagacaat ttctagagta gttttgaatg ggttgatttc 360
ccccactccc acaaactctg aagccagtg ctacttact aaaaaagag ttgtatataa 420
tatttaagat gctgagtatt tcataggaaa gctgaatgct gctgtaaagt gctctttaag 480
tctttttttt ttttaatccc cttctaata atgaaactag gggaatttca ggggacagag 540
atgggatttg ttgtatgata aactgtatgt agtttttagt ctttctgttt tgagaagcag 600
tggttggggc atttttaaga tggctggcta ctcttgtttt cctcatgat aataaatttg 660
tcataactca gtaacatgaa cttgcccta gaggtagtgt ttaataattt tgaaatatta 720
aggtcttgcc aagcttctga tgattcacac ctgtactact gattattaag caggacagac 780
tgagctttct gttgcaata ccttgaggga gaaagtaatt tctaaatata cagagaggta 840
acttgactat atatgttgca tcctgtgcct ccttcataa taatatttga taaagatttt 900
aatttatgta aaacttctaa agcagaatca aagctcctct tggggaaatg gcaagtcttt 960
aggataggca agacctgta tgaatagta caaagcatta ccgcatggta gagaacacac 1020
tcgattaaaa atgttaagct atctgaaaaa taaaatgtgc aagtcttcag gatggcacaa 1080
aacaaagggt aatgcttctt ggggcacatt tcttagaggg cttgctgagt gtgtaaatat 1140
aatcgacttt tgtttgtgtt acatgacttc tgtgacttca ttgaaaatct gcacaattca 1200
gtttcagctc tggattactt cagttgacct ttgtgaagg ttttatctgt gtagaatggg 1260
tgtttgactt gttttagcct attaaatttt tattttcttt cactctgtat taaaagtaaa 1320
acttactaaa agaaaagagg tttgtgttca cattaaatgg ttttggtttg gcttctttta 1380
gtcaggcttt ctgaacattg agatatctgt aacttagagc tcttcaatcc taagattttc 1440
atgaaaagcc tctcacttga acccaacca gagtactctt actgcctctt ttctaaatgt 1500
tcaggaaaag cattgccagt tcagtctttt caaatgagg gagaaacatt tgccctgcct 1560
gtaataacaa gactcagtg tttttttt aactgcatt taaaaattgg atagtataat 1620
aacaataagg agtaagccac cttttatagg caccctgtag ttttatagtt cttaatctaa 1680
acattttata tttccttctt ttggaaaaa cctacatgct acaagccacc atatgcacag 1740

```

65

```

actatacagt gagttgagtt ggctctccca cagtctttga ggtgaattac aaaagtccag1800
ccattatcat cctcctgagt tatttgaaat gatttttttt gtacattttg gctgcagtat1860
tggtggtaga atatactata atatggatca tctctacttc tgtattttatt tattttattac1920
tagacctcaa ccacagtcctt ctttttccoc ttccacctct ctttgcctgt aggatgtact1980
gtatgtagtc atgcactttg tattaatata ttagaaatct acagatctgt tttgtacttt2040
ttatactgtt ggatacttat aatcaaaaact ttactaggg tattgaataa atctagtctt2100
actagaaat aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa ctcaagacta gttctct 2147

```

5

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

(A) LÄNGE: 623 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

```

cccacgcgtc cccggaacg gcggcggcgg cgacaggacc gaggggcctt agttggtggg 60
caagtcgggg atcccagaaa gagaagcgtg acccggaagc ggaaacgggt gtccgtccca120
gctccggcct gccagtgagc ttctaccatc atggacctat tgttcgggcg ccggaagacg180
ccagaggagc tactgcgcca gaaccagagg gccctgaacc gtgccatgcg ggagctggac240
cgcgagcgac agaaactaga gaccagagg aagaaaatca ttgcagacat taagaagatg300
gccaaagcaag gccagatgga tgctgttcgc atcatggcaa aagacttggg gcgcacccgg360
cgctatgtgc gcaagtttgt attgatgcgg gccaacatcc aggcgtgtgc cctcaagatc420
cagacactca agtccaacaa ctcgatggca caagccatga aggggtgtcac caaggccatg480
ggcaccatga acagacagct gaagttgccc cagatccaga agatcatgat ggagtttgag540
cggcaggcag agatcatgga tatgaaggag gagaggattg aattgttgca tttgatgatc600
ccgtgggttt tggggaagtt tta 623

```

45

50

55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

60

(A) LÄNGE: 781 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

20

```

gcggttatat tgcaagcttg aaaaactaaa agatctgtga aagatgctgc caagaagggc 60
cagaaggatg tctgcatagt tctggccaag gagatgatca ggtaaggaa ggctgtgagc120
aagctgtatg catccaaagc acacatgaac tcagtgtcga tggggatgaa gaaccagctc180
25 gcggtcttgc gagtggcttg ttccctgcag aagagcacag aagtgtgaa ggccatgcaa240
agtcttctga agattccaga gattcaggcc accatgaggg agttgtocaa agaaatgatg300
aaggctggga tcatagagga gatgttagag gacacttttg aaagcatgga cgatcaggaa360
gaaatggagg aagaagcaga aatggaaatt gacagaattc tctttgaaat tacagcaggg420
30 gccttgggca aagcaccag taaagtgact gatgcccttc cagagccaga acctccagga480
gcgatggctg cctcagagga tgagggggag gaggaagagg ctctggaggc catgcagtcc540
cggctggcca cactccgcag ctaggggctg cctacccgcg tgggtgtgca cacactcctc600
tcaagagctg ccattttatg tgtctcttgc actacacctc tggtgtgagg actaccattt660
tgagaaagg tctgtttgtc tcttttcatt ctctgcccag gttttgggat cgcaaaggga720
35 ttgttcttat aaaagtggca taaataaatg catcattttt aggaaaaaaa aaaaaaaaaa780
a

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1714 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
45 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
60 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

gttgcgacat	gcagtgccg	ggaggaactg	tgtcttttga	ggccgacgct	aggggcccgg	60
aagggaaact	gcgaggcgaa	ggtgaccggg	gaccgagcat	ttcagatctg	ctcggtagac	120
ctggtgcacc	accaccatgt	tggctgcaag	gctggtgtgt	ctccggacac	taccttctag	180
ggttttccac	ccagctttca	ccaaggcctc	ccctgttgtg	aagaattcca	tcacgaagaa	240
tcaatggctg	ttaacacctt	gcagggaata	tgccacccaa	acaagaattg	ggatccggcg	300
tgggagaact	ggccaagaac	tcaaagaggc	agcatttgaa	ccatcgatgg	aaaaaatatt	360
taaaattgat	cagatgggaa	gatggtttgt	tgtctggagg	gctgctgttg	gtcttggagc	420
attgtgctac	tatggcttgg	gactgtctaa	tgagattgga	gctattgaaa	aggctgtaat	480
ttggcctcag	tatgtcaagg	atagaattca	ttccacctat	atgtacttag	cagggagtat	540
tggtttaaca	gctttgtctg	ccatagcaat	cagcagaacg	cctgttctca	tgaacttcat	600
gatgagaggc	tcttgggtga	caattgggtg	gacctttgca	gccatgggtg	gagctggaat	660
gctggtacga	tcaataccat	atgaccagag	cccaggccca	aagcatcttg	cttgggttgc	720
acattctggt	gtgatgggtg	cagtgggtgc	tcctctgaca	atattagggg	gtcctcttct	780
catcagagct	gcatggtaca	cagctggcat	tgtgggaggc	ctctccactg	tggccatgtg	840
tgcgcccagt	gaaaagtttc	tgaacatggg	tgcacccctg	ggagtggggc	tgggtctcgt	900
ctttgtgtcc	tcattgggat	ctatgtttct	tccacctacc	accgtggctg	gtgccactct	960
ttactcagtg	gcaatgtacg	gtggattagt	tcttttcagc	atgttccttc	tgtatgatac	1020
ccagaaagta	atcaagcgtg	cagaagtatc	accaatgtat	ggagttcaaa	aatatgatcc	1080
cattaactcg	atgctgagta	tctacatgga	tacattaaat	atatttatgc	gagttgcaac	1140
tatgctggca	actggaggca	acagaaagaa	atgaagtgac	tcagcttctg	gcttctctgc	1200
tacatcaaat	atcttgttta	atggggcaga	tatgcattaa	atagtttgta	caagcagctt	1260
tcgttgaagt	ttagaagata	agaaacatgt	catcatattt	aaatgttccg	gtaatgtgat	1320
gcctcaggtc	tgcctttttt	tctggagaat	aaatgcagta	atcctctccc	aaataagcac	1380
acacattttc	aatttctcatg	tttgagtgat	tttaaaatgt	tttgggtgaat	gtgaaaacta	1440
aagtttgtgt	catgagaatg	taagtctttt	ttctacttta	aaatttagta	ggttcactga	1500
gtaactaaaa	tttagcaaac	ctgtgtttgc	atattttttt	ggagtgcaga	atattgtaat	1560
taatgtcata	agtgatttgg	agcttttgga	aagggaccag	agagaaggag	tcacctgcag	1620
tcttttgttt	ttttaaatat	ttaggaactt	agcacctggg	gttatattgga	ttaggtgagg	1680
gagcccggta	ggaacagccg	ggtattgggg	aaca			1714

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 831 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

```

cacccccagc ccctgctctg aggcaccgag aaacgaggag gcccggtggcg agtctccaag 60
tgggtacogg cgctctcggc gcccgtagcc acccgcccgc cggaaagccga catctcgagt120
tctggcagaa gcaattttgcg cggcgaggag cggacgggca ggaacccaat aagctgcttc180
5  gcctcggagc tgaagcccggt actcaagatg gcggctccgg gcgggctggg ccagtgacta240
gaaggcgagg cgcccgggga ccatggcggc ggcgggcgac gagcggagtc cagaggacgg300
agaagacgag gaagaggagg agcagttggt tctggtggaa ttatcaggaa ttattgattc360
agacttcctc tcaaaatgtg aaaataaatg caaggttttg ggcatcgaca ctgagaggcc420
cattctgcaa gtggacagct gtgtctttgc tggggagtat gaagacactc tagggacctg480
10  tgttatatatt gaagaaaatg ttgaacatgc tgatacagaa ggcaataata aaacagtgc540
aaaatataaa tgccatacaa tgaagaagct cagcatgaca agaactctcc tgacagagaa600
gaaggaagga gaagaaaaca taggtggggg ggaatggctg caaataaagg ataagtatt660
ctcctatcga cccaacatga tttgttaact tctacatgaa aatgaagacg aagaagtgg720
15  agcttcagcc ccagataaat ctttgaattt ggaagaggaa gagattcaaa tgaaccaacc780
gttcaaaccg ggggtttgtt aaccggggga acccattgcg ccttgggaat t 831

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 744 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

```

50  tgaagttcta agagctttcc aagtttggga aggtgtccgg gttttctgcg attacttctc 60
tgagcatgaa oggaagtcac cttttgtgoc ttatgcggtg attttaatga taggtgtcat120
atataggacg gagtaatctg tttacattct gttcttctcg atgcactcac aagcgggtaa180
ctaggtgaca agaaaacaaa gatcttattc aaaagaggtc ttacagcaac ccaacgtctc240
atcttcccat agtaaagatg acggcgccct gaggttaagct acaggcaaca ccacttccgc300
55  gtttctcttg cgccctggtc caagatggcg gatgaagcca cgcgacgtgt tgtgtctgag360
atcccggtgc tgaagactaa cgccggaccc cgagatcgtg agttgtgggt gcagcgactg420
aaggaggaat atcagtcctt tatccggtat gtggagaaca acaagaatgc tgacaacgat480
tggttccgac tggagtccaa caaggaagga actcgggtgt ttggaaaatg ctggtatatc540
60  catgaacctc tgaaatatga gtttgacatc gagtttgaca ttcttatcac atatctact600
actgccccag aaattgcagt tcctgagctg gatggaaaga cagcaaagat gtacaggtag660
gactgaatag gagatggcaa agagtcaaag aaagccttaa ggaagaactt cgtggcggga720
gggagagcat caggaagagt agct 744

```

65

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2017 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

Name: G1753634	Len: 2017	Check: 8BA	
tgcgacccga	ggcgccgagc	aagatggcgg	cgcgagtgcg
ggcgccgagg	ctcctgcagc	ggcgccgccc	ctgcagcctc
gacatcttcc	agcaacagat	ctcgagaaga	cagctggcta
agttgatcca	agaaaagatg	cccactccaa	tctcctagcc
atacaaaatta	cagttttcaca	atgtttaaacc	ggaatgccta
tcaagagggtg	ttgccaaaga	ttcacgaaga	ttaacactac
ttggaacacg	tggtatggcg	agcaggacca	agctgtccac
ctatccagcc	ctcacagaag	tcatagaataa	actcagagaa
tcgtaaggca	agaagtgaca	tgcttctctc	caggaagaat
tttctggaat	gagcctgtgc	caagatccgg	acctaataata
actccgacca	ggaaccatga	ttgaatgggg	caattactgg
acaggatggg	aacgaagccg	tcggaggatt	cttctctcag
gcaccatctt	tggtgcttaca	gggatcttca	gaccagggaa
gcacaaacat	ggctgggagg	aattgggtata	ttacacagtt
atccagaatc	atgatcccac	tgaagacctc	gccctccag
gtgctctacat	acatttctgt	gacaagtatt	tgctgtaaat
gtgaaaaaga	aacactgagg	ttttaagctg	ctgtatatag
tttaaaat	acataatcac	aagaaaggaa	agaattacag
ccttgtcgtc	ctctttgaaa	caccccggtg	tgctccagat
ttctccccc	cctccagaag	gggtccacgt	tgaattctga
ccaaccacaa	aaaaaattta	gccatttctt	tactaaaaaa
ttataatcac	agatttttag	acaaatttct	tgatcagga
gtttctcaag	cagtttttct	gagtagtttc	tgaggaggaa
taactgaaaa	tggttttaact	cactctcatt	tgtaagcagt
ttccaagct	gggcaaggta	catttaataca	gtaaatcagt
gtttcaatgt	gagacacaaa	aacaatggct	tgaaacttgt
atgaacacct	tgaatagcac	taatttttat	ttgtgggtatt
gctctaggaa	aagagggttt	attttgtaaa	cgatcatttg
ctaataat	aataagctca	cagcagataa	ttctgagatc
ggtgagattt	aaattggcat	aaagctgcat	actttttgtc
ttaatatagt	atgccaat	tgtgactgtt	accatgtgaa
ttgtctgccc	cacaatcaag	aatgtatgtg	ttaaagtgtga
caaaactttta	catgtgaatg	attttctcaa	agaacataga
aattttocaca	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaa

65

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 856 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

```

cgcagtgcgc aggcgtgggg ctctctcctt gtcagtcggc gccgcgtgog ggctgggtggc 60
tctgtggcag cggcggcgcc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcg120
cgccgcgccc ttctccctgg agtaccgagt cttcctcaaa aatgagaaag gacaatatat180
atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggat gtgtttcaca tggtagttga240
agtaccacgc tggctctaat caaaaatgga gattgctaca aaggaccctt taaaccctat300
taaacaagat gtgaaaaaag gaaaacttcg ctatgttgcg aatttggtcc cgtataaagg360
atatatctgg aactatggtg ccatccctca gacttgggaa gacccagggc acaatgataa420
acatactggc tgttggtggtg acaatgacct aattgatgtg tgtgaaattg gaagcaaggt480
atgtgcaaga ggtgaaataa ttggcgtgaa agttctaggc atattggota tgattgacga540
aggggaaacc gactggaaag tcattgccat taatgtggat gatcctgatg cagccaatta600
taatgatata aatgatgtca aacggctgaa acctggctac ttagaagcta ctgtggactg660
gtttagaagg tataaggttc ctgatggaaa accagaaaat gagtttgogt ttaatgcaga720
atttaaagat aaggactttg ccattgatat tattaaaagc actcatgacc attggaaagc780
attagtgact aagaaaacga atgggaaaag gatcatgttg attgttcaac ttttcgttgg840
gccctcaaa gtgtgc                                     856

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 540 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

15

```
gcatagacaa agggcctcag aatcgcgag gcgcaattgt gccctgggtc gccaaagatgt 60
cgttcccaaa gtataagccg tcgagcctgc gcaactctgcc tgagaccctc gaccagccg120
aataacaacat atctccggaa acccgcgagg cgcaagcgag cggttgcca taagagccca180
gctgaaacga gactacctgc ttcagtacaa cgatcccaac cgccgagggc tcatcgaaaa240
tcctgccttg cttcggttgg cctatgcaag aacaataaat gtctatocct atttcagacc300
cactcctaaa aactcactca tgggagctct gtgtggattt gggccctcoa tcttcattta360
ttatattatc aaaactgaga gggataggaa agaaaaactt atccaggaag gaaaattgga420
tcgaacattt cacctctcat attaatctg gcaatgatga ctatatgtat tcctgcctaa480
ataaatcatc tattaatcat taataaaaaa aaaaaaaa aaaaaaaa aaaaaagtcg540
```

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 1912 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

```
tgtgtgaggc ccaacagcgg aatcatcgat gcaggggcct gaattaatgt atctgtgatg 60
ttacagcctt togattatga tccaatgag aaaagtaaac acaggttatg gttcagtcta 120
tggttgctcc aactgacact tcagatatgg aagcagtatg gaaggaggca aaaccggaag 180
accttatgga ttcaaaactt agatgtgtgt ttgaattgcc agcagagaat gataaaccac 240
atgatgtaga aataaataaa attatatcca caactgcatc aaagacagaa acaccaatag 300
tgtctaagtc totgagttct tctttggatg acaccgaagt taagaagggt atggaagaat 360
gtaagaggct gcaagggtgaa gttcagaggg tacgggagga gaacaagcag ttcaagggaag 420
```

65

```

aagatggact gcggtatgagg aagacagtgc agagcaacag ccccatTTTca gcattagccc 480
caactgggaa ggaagaaggc cttagcacc cgtcttTggc tctggTggTt ttgttctTTa 540
tcgtTggTgt aattattTgg aagattgcct tTtagaggTa gcatgcacag gatggTaaat 600
5 tggattggTg gatccaccat atcatgggat tTaaattTtat cataaccatg tGtaaaaaaGa 660
aattaatgTa tGatgacatc tcacaggTct tgcctTTTaa ttaccctctc ctgcacacac 720
atacacagat acacacacac aaatataatg taacgatctt ttagaaagTt aaaaatgtat 780
agtaactgat tgagggggaa aagaatgatc tttattaatg acaagggaaa ccatgagTaa 840
tgccacaatg gcatattgTa aatgtcattt taaacattgg taggcctTgg tacatgatgc 900
10 tggattacct ctctTaaaat gacacccttc ctgcctgTt ggtgctggcc cttggggagc 960
tggagccag catgctggg agtgcggtc gctccacaca gtagtcccca cgtggccac 1020
tcccgccca ggctgctTtc cgtgtctTca gttctgtcca agccatcagc tcctTgggac 1080
tGatgaacag agtcagaagc ccaaaggaaT tgcactgtgg cagcatcaga cgtactcgtc 1140
15 ataagtGaga ggctgtgtt gactgattga ccagcgctt tggaaataaa tggcagTgct 1200
ttgttcaact aaagggaCCA agctaaattt gtattggTtc atgtagtgaa gtcaaactgt 1260
tattcagaga tgtTTaatgc atattTaaTt tattTaatgt atttcatctc atgttttctt 1320
attgtcacaA gagtacagTt aatgctgcgt gctgctgaac tctgtTgggt gaactggtat 1380
tgctgctgga gggctgtggg ctctctctgc tctggagagt ctggTcatgt ggaggTgggg 1440
20 tttattggga tGctggagaa gagctgccag gaagtgtTt ttctgggtca gTaaataaca 1500
actgtcatag ggagggaat tctcagtagt gacagtcaac tctaggTtac cttttTaat 1560
gaagagtagt cagtcttcta gattgttctt ataccacctc tcaaccatta ctcaacttc 1620
cagcgccag gtccaagtct gagcctgacc tccctTggg gacctagcct ggagtcagga 1680
caaatggatc gggctgcaga gggTtagaag cgagggcacc agcagTtgTg ggtggggagc 1740
25 aagggaagag agaaactctt cagcgaatcc ttctagtact agTtgagagt ttgactgtga 1800
attaattTtt tgccataaaa gaccaacca gttctgtTt actatgtagc atcttgaaaa 1860
gaaaaattat aataaagccc caaaattaag aaaaaaaaaa aaaaaatact gc 1912

```

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1962 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

```

Name: 794006          Len: 1962  Check: 13A0
TTTTTTTTTT TTTTatcgag caagaatctg tTaaCagTtt tatttttttt tatgtTaaat 60
accatgggac aggattgTaa ggatgaaaaa ctCagTcaac aactgcctca caagggataa 120
65 gaaaaattct gccatgatat tagcaaaggT aaaggaggaa aaattTcac tGtaagaggc 180
accatttccc caagggaatac ctctTggcat ttctgaaTg agTgggatta gcaatctaaa 240

```

taaatcatat	ttcaagaggt	aacagcaaca	gataaaat	aaagggatta	ftaaaataac	300
atttacaaga	ctctgaacaa	ttcttgaact	cttattaaaa	ccacaaagaa	agaacaattc	360
tttatttatg	aatttcataa	aggactcaat	gtgcaactga	catctgctag	tgatgatctg	420
gtaatatata	acctgtccag	tagccgaaca	gtttgttttt	attgtgtttt	ctaaccgtaa	480
gagatcatta	aaggcaaagc	ctatatgacg	ctgtacacac	aaaaaaatgg	tcaccgtggg	540
ccatactacc	aatgaaatgg	taggtaaaca	aatctttttc	tggtcaagag	aaaaaaaaaa	600
aaaagaaaca	gcactctgca	tgcttcactc	tacaagatga	atttccctag	aaagaatcca	660
atgaaaatgg	ctgcaattac	aacaagaagt	gaaggaagag	gactgggtgac	attatctctg	720
aaggatgcag	ttgaggttga	tccaggttta	tccgaatgtg	ctacctttct	gagccttaaa	780
ccttcatctc	tcaggtgccg	atcttcttct	gatagcttca	tcatttctcc	ctgaagtctt	840
ttacactctt	ccattagttt	ccttgtttcg	gtatcattaa	gtgaaacact	gtgtggtttt	900
ggcataggtc	catcttgctt	agatgcattc	agtggacacg	ccttgctagg	ttccatatca	960
ttcaatttat	catttttcatt	gggcatttca	aatacgcata	tcaatttggg	atccattaat	1020
tcatacaggt	ttgcctcttt	ccacacagct	tccatatctg	aagtgtttgg	tgagagcaaaa	1080
attgtctgta	ccataaaact	gtgtttactc	ttttcattcg	gatcatagtc	aaagggtctg	1140
agcattactg	aaacagtcac	agttgacctc	gggtcaataa	ttccactgtt	gggcctcaca	1200
cagtaaccgg	gaggtgctgt	agtcttcact	ttgaaacaca	cttttctatc	cgatggattt	1260
cgcaatttaa	gattttagtg	gactacatct	gtgaaggggc	ctttgaattt	gaggtctgtg	1320
ggcggatcga	ggaccaggat	ctgctcgtct	tcgccatggc	ccctgaggcg	gacgccatcg	1380
gagagacagc	gcagagcagg	gggcggcttg	ctcgtggggg	gcgggggacg	atggcgagag	1440
gggaggggga	gogagttcgc	atctctcctt	ttcctgggta	gactctgttc	aaccacattc	1500
ttatgttggc	agatctgctt	ccagattgat	ttttagagca	ccatcacttt	cacattcctg	1560
attctgattt	tgttttgttt	tgtttgggtt	ttctgaaact	taaaatgctg	ccccgaaaat	1620
actataat	tgagtttgtg	ttctgaaagc	ctccgtgctg	ctggatcttt	ggggggaaaat	1680
acaggatcct	tcagcactga	ggtgtttaag	atttgcaact	agcaatgcaa	ttttttctaa	1740
atatggggat	atttaccttt	attaagaaat	tatactaaac	attgatgtoc	ttgatcattt	1800
tatgttctca	tattactttt	gattctacta	tgattgtgtg	gtgggtgaaca	aagatcatta	1860
caaacaaaaa	ctgtaatttt	gttatatttg	attcaatgga	atttacctaa	aaaataaaga	1920
ctaaaaatgt	gaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aa		1962

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1458 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56:

```

cggtctgagc ggctcgagat tctagggtcgt ggtggtcttg gaagagcgtc gagggggccg 60
tggacgtgga atgggcccag gagatggatt tgattctcgt ggcaaactgt aatttgatag 120
gcatagtgga agtgatagat ctggcctgaa gcacgaggac aaactgtgag gtagcggatc 180
5 tcacaactgg ggaactgtca aagacgaatt aacagagtcc cccaaataca ttcagaaaca 240
aatatcttat aattacagtg acttggtatca atcaaagtgt actgaggaaa cacctgaagg 300
tgaagaacat catccagtgg cagacactga aaataaggag aatgaagttg aagaggtaaa 360
agaggagggt ccaaaagaga tgacttttga tgagtggag gctattcaaa ataaggaccg 420
ggcaaaagta gaatttaata tccgaaaacc aaatgaaggt gctgatgggc agtggagaa 480
10 gggattttgtt cttcataaat caaagagtga agaggctcat gctgaagatt cggttatgga 540
ccatcatttc cggaagccag caaatgatat aacgtctcag ctggagatca attttggaga 600
ccttgccgc ccaggacgtg gcggcagggg aggacgaggt ggacgtgggc gtggtgggcg 660
cccaaaccgt ggcagcagga ccgacaagtc aagtgcctct gctcctgatg tggatgaccc 720
15 agaggcattc ccagctctgg cttaactgga tgccataaga caaccctggt tcctttgtga 780
acccttctgt tcaaagcttt tgcattgcta aggattccaa acgactaaga aattaaaaaa 840
aaaaagactg tcattcatac cattcacacc taaagactga attttatctg ttttaaaaaa 900
gaacttctcc cgctacacag aagtaacaaa tatggtagtc agttttgtat ttagaaatgt 960
attggtagca gggatgtttt cataattttc agagattatg cattcttcat gaatactttt 1020
20 gtattgctgc ttgcaaata gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac 1080
cagtttaaa ctttcacttc atttgtgttt ttaattaag gatttagaag tcccccaat 1140
tacaaactgg ttttaaatat tggacatact ggttttaata cctgctttgc atattcacac 1200
atggtcaact gggacatgtt aaactttgat ttgtcaaatt ttatgctgtg tggataacta 1260
25 actataatga ttttaactta gttttaatat tticattttt ggggaaaaat cttttttcac 1320
ttctcatgat agctgttata tatatatgct aaatctttat atacagaaat atcagtactt 1380
gaacaaattc aaaagcacat ttggtttatt aaccctgggc tgccctggca tggggcccat 1440
ttggggtcca aattataa 1458

```

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2188 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

60 Name: 2594262 Len: 2188 Check: 210C

```

gggccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 60
ccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 120
65 cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 180
ccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 240
ccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 300
ccaaccctcc cccaccccc cccctacaag tcacctggtt aagccaacct gaattctact 360

```

```

cacctgggcg tggaagtatg tatgacagaa tgcgacgagg aggtgatgga tatgatggtg 420
gttatggagg ttttgatgac tatggtggct ataataatta cggctatggg aatgatggct 480
ttgatgacag aatgagagat ggaagaggta tgggaggaca tggctatggt ggagctggtg 540
atgcaagttc aggttttcat ggtggtcatt tctacatat gagagggttg ctttttcgtg 600
caactgaaaa tgacattgct aattttcttct caccactaaa tocaatacga gttcatattg 660
atattggagc tgatggcaga gccacaggag aagcagatgt agagtttgtg acacatgaag 720
atgcagtagc tgccatgtct aaagataaaa ataacatgca acatcgatat attgaactct 780
tcttgaattc tactcctgga ggcggtctctg gcatgggagg ttctggaatg ggaggctacg 840
gaagagatgg aatggataat cagggaggct atggatcagt tggaagaatg ggaatgggga 900
acaattacag tggaggatat ggtactcctg atggtttggg tggttatggc cgtgggtggtg 960
gaggcagtgg aggttactat gggcaaggcg gcatgagtgg aggtggatgg cgtgggatgt1020
actgaaagca aaaacaccaa catacaagtc ttgacaacag catctggtct actagactttt1080
cttacagatt taattttctt tgtattttaa gaactttata atgactgaag gaatgtgttt1140
tcaaaatatt atttggtaaa gcaacagatt gtgatgggaa aatgttttct gtaggtttat1200
ttgttgcata ctttgactta aaaataaatt tttatattca aaccactgat gttgatactt1260
tttatatact agttactcct aaagatgtgc tgccttcata agatttgggt tgatgtattt1320
tactattagt tctacaagaa gtagtgtggt gtaatttttag aggataatgg ttcacctctg1380
cgtaaactgc aagtcttaag cagacatctg gaatagagct tgacaaataa ttagtgtaac1440
ttttttcttt agttcctcct ggacaacact gtaaataata agcctaaaga tgaagtggct1500
tcaggagtat aaattcagct aattattttct atattattat ttttcaaag tcatttatca1560
ggcatagctc tgaaacattg atgatctaag aggtattgat ttctgaatat tcataattgt1620
gttacctggg tatgagagtg ttggaagctg aattctagcc ctagattttg gagtaaaacc1680
ccttcagcac ttgaccgaaa taccaaaaat gtctccaaaa aattgatagt tgcaggttat1740
cgcaagatgt cttagagtag ggttaagggt ctcagtgaca caagaattca gtattaagta1800
cataggtatt tactatggag tataattctc acaattgtat tttcagtttt ctgcccaata1860
gagttttaat aactgtataa atgatgactt taaaaaaatg taagcaacaa gtccatgtca1920
tagtcaataa aaacaatcct gcagttgggt tttgtatctg atccctgctt ggagtttttag1980
tttaaagaat ctatatgtag caaggaaaag gtgcttttta attttaatcc ctttgatcaa2040
tatggctttt ttocaaattg gctaattgat caaaatgaaa cctgttgatg tgaattcagt2100
tattgaactt gttacttggt tttgccagaa atgttattaa taaatgtcaa tgtgggagat2160
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 2188

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1548 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

```

ctcgcctagtt cgatcggtag cgggagcggg gagcggagccc cagagagccc tgagcagccc 60
caccgcccgc gccggcctag ttaccatcac accccgggag gggccgcagc tgccgcagcc 120
ggccccagtc accatcaccg caaccatgag cagcgaggcc gagaccagc agccgcccgc 180
5 ggcccccccc gcggcccccg cctcagcgc cgccgacacc aagcccggca ctacgggcag 240
cggcgagagg agcgggtggc cgggcccct caccatcggc gcgcctgcg gcggggacaa 300
gaaggtcatc gcaacgaagg ttttgggaac agtaaaatgg ttcaatgtaa ggaacggata 360
tggtttcatc aacaggaatg acaccaagga agatgtatgt gtacaccaga ctgccataaa 420
gaagaataac cccaggaagt accttcgcag tgtaggagat ggagagactg tggagtttga 480
10 tggtgttgaa ggagaaaagg gtgcggaggc agcaaagtgt acaggtcctg gtggtgttcc 540
agttcaaggc agtaaatatg cagcagaccg taaccattat agacgctatc cagtcgtag 600
gggtcctcca cgcaattacc agcaaaatta ccagaatagt gagagtgggg aaaagaacga 660
gggatcggag agtgctcccg aaggccaggc ccaacaacgc cggccctacc gcaggcgaag 720
15 gttcccacct tactacatgc ggagacccta tgggcgtcga ccacagtatt ccaaccctcc 780
tgtgcaggga gaagtgatgg aggggtgctg caaccagggt gcaggagaaac aaggtagacc 840
agtgaggcag aatatgtatc ggggatatag accacgattc cgcagggggc ctccctcgcca 900
aagacagcct agagaggacg gcaatgaaga agataaagaa aatcaaggag atgagaccca 960
aggtcagcag ccacctcaac gtccgtaccg ccgcaacttc aattacogac gcagacgccc1020
20 agaaaaccct aaaccacaag atggcaaaga gacaaaagca gccgatccac cagctgagaa1080
ttcgtccgct cccgaggctg agcaggggcg ggctgagtaa atgccggctt accatctcta1140
ccatcatccg gtttagtcat ccaacaagaa gaaatatgaa attccagcaa taagaaatga1200
acaaaagatt ggagctgaag acctaaagtg cttgcttttt gccggttgac cagataaata1260
gaactatctg cattatctat gcagcatggg gtttttatta tttttacctt aagacgtctc1320
25 tttttggtaa taacaaacgt gtttttttaa aaagcctggt tttttctaat acgcctttta1380
aggtttttaa attgtttcat atctgggtcaa gttgagattt ttaagaactt catttttta1440
ttgtaataaa agtttacaac ttgatttttt caaaaaagtc aacaaactgc aagcacctgt1500
taataaaggc cttaataaat tgcctttgtg taaaaaaaaa gggaatat 1548

```

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1254 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

40

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

55

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

```

ggaccgcttc ccccgagcca gcagcagcgt ttgacgtcat cgtgcgtgtg gtgcccctgc 60
tgccggggct ggtgattgga ggaaaccccc tgtctgacgg agggctgtag cctgtgagca 120
gcgagatcca gggacagagt ctacgcctcg ccgctgctgc cgcgcgcgcc gccagagac 180
65 tgctgagccc gtccgtccgc cgccaccacc cactccggac acagaacatc cagtcattga 240

```

```

taaaaatgag ctggttcaga aggccaaact ggccgagcag gctgagcag atgatgacat 300
ggcagcctgc atgaagtctg taactgagca aggagctgaa ttatccaatg aggagaggaa 360
tcttctctca gttgcttata aaaatgttgt aggagcccgt aggtcatctt ggagggtcgt 420
ctcaagtatt gaacaaaaga cggaagggtgc tgagaaaaaa cagcagatgg ctcgagaata 480
cagagagaaa attgagacgg agctaagaga tatctgcaat gatgtactgt ctcttttggg 540
aaagttcttg atccccaatg cttcacaagc agagagccaa agtcttctat ttgaaaatga 600
aaggagatta ctaccgttac ttggctgagg ttgccgctgg tgatgacaag aaagggtattg 660
tcgatcagtc acaacaagca taccaagaag cttttgaaat cagcaaaaag gaaatgcaac 720
caacacatcc tatcagactg gggctggccc ttaacttctc tgggttctat tatgagattc 780
tgaactcccg cagagaaaagc ctgctctctt gcaaagacag cttttgatga agccattgct 840
gaacttgata cattaagtga agagtcatac aaagacagca cgctaataat gcaattactg 900
agagacaact tgacattgtg gacatcggat acccaaggag acgaagctga agcaggagaa 960
ggaggggaaa attaacgggc cttccaactt ttgtctgcct cattctaaaa tttacacagt1020
agaccatttg tcatccatgc tgtcccacaa atagtttttt gtttacgatt tatgacaggt1080
ttatgttact tctatttgaa tttctatatt ttccctgtgg gttttatgtt tagttttggg1140
ggagtaggag ccagtttaac gtttggggag tttgtctgtt tttcgtcttt gaggggtgggc1200
ccagtatggg ggggtgttgg gattttttgt taccagtttt tgaggtgttt ttgg 1254

```

5

10

15

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 577 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60:

```

ctcgtgccgg ggtcgccctt ggagcagaga ggaggcaatg gccaccatgg agaacaaggt 60
gatctgcgcc ctggtcctgg tgtccatgct ggccctcgcc accctggccg aggcccagac120
agagacgtgt acagtggccc cccgtgaaag acagaattgt ggttttcctg gtgtcacgcc180
ctcccagtgt gcaataaagg gctgctgttt cgacgacacc gttcgtgggg tcccctgggt240
cttctatcct aataccatcg acgtccctcc agaagaggag tgtgaatttt agacacttct300
gcagggatct gcctgcatcc tgacgcggtg ccgtccccag cacggtgatt agtcccagag360
ctcggctgcc acctccaccg gacacctcag acacgcttct gcagctgtgc ctcggtcac420
aacacagatt gactgctctg actttgacta ctcaaaattg gcctaaaaat taaaagagat480
cgatattaaa aaaaaaagaa aggaaaaaaa acctcgagg gggggggggc ccggttagcc540
caatttgggc cctatgaggg ggggoggagt tacaagg 577

```

55

60

65

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 263 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61:

```
gcgagtggga gcaccaggat ctcgggctcg gaacgagact gcacgggttg ttttaagaaa 60
atggcagaca aaccagacat gggggaaatc gccagcttcg ataaggcgaa gotgaagaaa120
acggagacgg agggggggaa caccctgccg accaaagaga ccattgagca ggagaagcgg180
gtgaaaatttc ctaagagccg ggggggttc gtgccggggg tccttttggg gggcccgagt240
ggttggtgtg agaaaggccc cct                                     263
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 425 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62:

```

gaaagaaatg aaagacagag acagcttttg ctatgggaga gggaggaggc cgggggaagg 60
aggagacagg aggaggaggg accacggggg ggaggggaga tagaccagc ccagagctct120
gagtggtttc ctgttgcttg tctctaaacc cctccacatt cccgcggtcc ttcagactgc180
ccggagagcg cgctctgcct gcggcctgcc tgcctgccac tgagggttcc cagcaccatg240
agggcctgga tcttctttct cctttgcctg ggcgggaggg ccttggcagc ccctcagcaa300
gaagccctgc ctgatgagac agagggtgtg gaagaaatgt gggagagggt actgagggtat360
gtgtgggagt aaccgcgtccc aggtggaagg ggggagtttg aaagtggggg aaggaacccg420
aaggg                                           425

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 954 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63:

```

cctcttcttt ttctttttct tctttttttt ttcttttttt ttttttgtga gagcagggtc 60
actttattgg tatagagact gcagagggac caggggcttt agctgttggc agctatggtg120
tctttaatcc agtccacata gttgtagacc ttggtgtaga ctccaggcct gttcttctgg180
gcacagccat agccccagga gacaattcct tggagctctc cattggagac cacaggggcca240
ccagaatcac cctggcagga atccttgccct ccctcgagga agcccacaca gaacatggtg300
ttggtaatct ttccagggtg ggaggcttca cactcagcct ggctcagcac aggagcatcc360
aggcactgca gctcgtcttg gtagtcggca ccagaactca gactgttgcc ccagccggag420
atgaggggact cggtgccagc agctggaggg gcagtgggca gagagatggc ggacacgcgg480
gaattgatga cggcagggtg ggagagcttg atcagcagga tgtcattgtc cagagtcggg540
ctgttgatatt tggggtggcg gatgatcttg gccgcattga tgaactgttc attcccctcc600
aggacttcga tgttggtgctc tcccagtcct acctggatgc gggacttgta gcagtgcct660
gctgacacca cccactgttc gctgatgagg gagccaccgc agaagtggta gccagaattc720
aaggacaact ggtagggggac agaattctcc tcacagatgt agccccaac gatcttgtca780
tcatcatcaa agggggcagc aacagcagct gcaacaaagg taaggatcag aagtagattc840
atggtggtag agtgtgcctg attgctggtg gagaaccgct ctttatacct cccgaggatg900
gggagaggag gtgtctgtga ggtgagggtc actgctcctc ccagcacaaa caca          954

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 647 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64:

```

30 ctctcctgcc cgaggtccat catcctggag taccaccagg agcgcgtggt gotgaccgcg 60
   aagccagtcc acgggggtgat gacgaacgag atcatcttca acaacaagggt ggtcagcccc120
   ggcttcaggga aaaacggcat cgtggtctcg cgcacgcgcg tcaagatgta cgcgaccatc180
   ccggagctgg gagtccagggt catgttctcc ggcctcatct tctccgtgga ggtgcccttc240
35 agcaagtttg ccaacaacac cgagggccag tgcggcaatt gcaccaacga caggaaggat300
   gagtgcgcga cgcctagggg gacggtggtc gcttcctgct ccgagatgto cggcctctgg360
   aacgtgagca tccctgacca gccagcctgc gaccggcctc acccgaggcc caccacggtc420
   gggcccacca cagttgggtc taccaccgtc gggcccacca cagcgcctgc tgcgtgcctg480
   ccatcaccca tctgccacct gattctgagc aaggtgtttg agcctgtcca cagtgtgatc540
40 cccccactgc tgttctatga gggctgctg tttgaccggg gccagatgac ggacctggat600
   gtgggtgtgct ccaggctgga gctgtacggg gcagtggtgt cgtccca 647

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2213 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65:

5

```

ggcgggacccg cccgggggtcg aggcctgcct ctccgagagc tcctggcgcg gccgtcccgg 60
ccccggggccc caggtgcgct tcccctagag agggattttc cggctcctgtg ggcagaggaa 120
caaccaggaa cttgggggtc agtctccacc ccacagtggg gcggatccgt cccggataag 180
acccgctgtc tggccctgag taggggtgtga cctccgcagc cgcagaggag gaggcagacc 240
ggcctcgaag aacttctgct tgggtggctg aactctgac ttgacctaga gtcattggcca 300
tggcaaccaa aggaggtact gtcaaagctg cttcaggatt caatgccatg gaagatgcc 360
agaccctgag gaaggccatg aaagggtcg gcaccgatga agacgccatt attagcgtcc 420
ttgctaccg caacaccgcc cagcgccagg agatcaggac agcctacaag agcaccatcg 480
gcagggactt gatagacgac ctgaagtcag aactgagtgg caacttcgag cagggtgattg 540
tggggatgat gacgcccacg gtgctgtatg acgtgcaaga gctgcgaagg gccatgaagg 600
gagccggcac tgatgagggc tgcctaattg agatcctggc ctcccggacc cctgaggaga 660
tccggcgcat aagccaaacc taccagcagc aatatggacg gagccttgaa gatgacattc 720
gctctgacac atcgttcatg ttccagcgag tgctgggtgc tctgtcagct ggtgggaggg 780
atgaaggaaa ttatctggac gatgctctcg tgagacagga tgcccaggac ctgtatgagg 840
ctggagagaa gaaatggggg acagatgagg tgaattttct aactgttctc tgttcccgga 900
accgaaatca cctgttgcag gtgtttgatg aatacaaaag gatatacacag aaggatattg 960
aacagagtat taaatctgaa acatctggta gctttgaaga tgctctgctg gctatagtaa1020
agtgcattgag gaacaaatct gcatattttg ctgaaaagct ctataaatcg atgaagggt1080
tgggcaccga tgataacacc ctcatcagag tgatggtttc tcgagcagaa attgacatgt1140
tggtatatccg ggcacacttc aagagactct atggaaagtc tctgtactcg ttcatcaagg1200
gtgacacatc tggagactac aggaaagtac tgcttgttct ctgtggagga gatgattaaa1260
ataaaaatcc cagaaggaca ggaggattct caacactttg aattttttta acttcatttt1320
tctacactgc tattatcatt atctcagaat gcttatttcc aattaaaacg cctacagctg1380
cctcctagaa tatagactgt ctgtattatt attcacctat aattagtcac tatgatgctt1440
taaagctgta cttgcatttc aaagcttata agatataaat ggagatttta aagtagaaat1500
aaatatgtat tccatgtttt taaaagatta ctttctactt tgtgtttcac agacattgaa1560
tatattaaat tattccatat tttcttttca gtgaaaaatt ttttaaattg aagactgttc1620
taaaatcact tttttcccta atccaatttt tagagtggct agtagtttct tcatattgaaa1680
ttgtaagcat ccggtcagta agaatgccca tccagttttc tatatttcat agtcaaagcc1740
ttgaaagcat ctacaaatct ctttttttag gttttgtcca tagcatcagt tgatccttac1800
taagtttttc atgggagact tccttcacat catcttatgt tgaaatcact ttctgtagtc1860
aaagtatacc aaaaccaatt tatctgaact aaattctaaa gtatggttat acaaaccata1920
tacatctggt taccaaacat aaatgctgaa cattccatat tattatagtt aatgtcttaa1980
tccagcttgc aagtgaatgg aaaaaaaaaa aagcttcaaa ctaggtattc tgggaatgat2040
gtaatgctct gaatttagta tgatataaag aaaacttttt tgtgctaaaa atacttttta2100
aaatcaattt tgttgattgt agtaatttct atttgcactg tgcccttcaa ctccagaaac2160
attctgaaga tgtacttgga tttaattaaa aagttcactt tgtaaaaaaa aaa 2213

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1728 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66:

```

acctatggct tactgaatgg tgattacttt ctttgggctc ggaactactt gcccttagga 60
tataaaaatg atgacatcca ttatagagtg ctcacagaag gaaatgaagt aatatagggtg 120
tgagatccag accaaaagtc atttaacaag ttatttcagt gatgaaaaca tgggacaaat 180
ggactaatat aaggcagtggt actaagctga gtagagagat aaagtcctgt ccagaagata 240
catgcttcct ggcoctgattg aggagatgga aaatttttgc aaaaaacaag gtgttggtgg 300
cttccatcca gtttcttaag tgctgatgat aaaagtgaat tagaccacc ttgacctggc 360
ctacagaagt aaaggagtaa aaataaatgc ctcaggcgtg ctttttgatt catttgataa 420
acaaagcatc ttttatgttg aatataccat tctgggtcct gaggataaga gagatgaggg 480
cattagatca ctgacagctg aagatagaag aacatctttg gtttgattgt ttaataata 540
tttcaatgcc tattctctgc aaggctactat gtttcgtaaa ttaaataagg ctggcccaga 600
agacccactc aattgccttt gagattaaaa aaaaaaaaaa aaagaaagaa aaatgcaagt 660
ttctttcaaa ataaagagac atttttccta gtttcaggaa tccccaaat cacttcctca 720
ttggcttagt ttaaagccag gagactgata aaagggtcca ggtttgttc ttaattcat 780
taactaaaca ttctgctttt attacagtta aatggttcaa gatgtaacaa ctagttttta 840
aggatattgc tcattggtct ggcttagaga caggaagaca tatgagcaat aaaaaaaga 900
ttcttttgca ttaccatt tagtaaaaat ttattaaaac tgaataaagt gctgttotta 960
agtgttgtaa agacgtaaac caaagtgcac tttatctcat ttatcttatg gtggaaacac 1020
aggaacaaat tctctaagag actgtgtttc tttagttgag aagaaacttc attgagtagc 1080
tgtgatatgt tcgatactaa ggaaaaacta aacagatcac ctttgacatg cgttgtagag 1140
tggaataaag agagggtctt ttattttttc gttcatacga gtattgatga agatgatact 1200
aaatgctaaa tgaaatatat ctgctccaaa aggcatttat tctgacttgg agatgcaaca 1260
aaaacacaaa aatggaatga agtgatactc ttcatacaac agaagtgact gttatctcaa 1320
ccattttgtt aaatcctaaa cagaaaacaa aaaaaatcat gacgaaaaga cacttgctta 1380
ttaattggct tggaaagtag aatataggag aaaggttact gtttattttt ttcatgtat 1440
tcattcatte tacaatatata ttcggtgccc aataggtagt tgggtataagg tttttggccc 1500
cagagacatg ggaaaaaaat gcatgccttc ccagagaatg cctaataactt tccttttggc 1560
ttgttttctt gtttaggggca tggcttagtc cctaaataac attgtgtggt ttaattccta 1620
ctccgtatct cttctaccca cttctgggcc actacgggta gggcagggtg ggctgggggt 1680
tttgtttagt gagcgttgct cccttgaagt taccagggac cttgcctt 1728

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2878 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67:

cctcgtgcag	gtgcaccgct	tggtcctaaa	agctctggag	gatggccggg	catatgggtc	60
tccatgggtg	aacaaacaga	tcacaagggt	cctaattgaa	tgtcgagatg	aatataaata	120
taatgtggag	gctgtggagc	tgctaattcg	caatcatttg	gttaatatgc	agcagtatga	180
tcttcaccta	gcgcagtcaa	tgagagaatg	cttaaaactac	atggctgtgg	catttgctat	240
gcagttagta	aaaatcctgc	tggtggatga	aaggagtgtt	gctcatgtta	ctgaggcaga	300
tctgttccac	accattgaaa	ccctcatgag	gattaatgct	cattccagag	gcaatgctcc	360
agaaggattg	ccccagctga	tggaagtagt	gcgatccaac	tatgaagcaa	tgattgatcg	420
tgctcatgga	ggcccaaaact	ttatgatgca	ttctgggatc	tctcaagcct	cagagtatga	480
tgaccctcca	ggcctgaggg	agaaggcaga	gtatcttctg	agggaatggg	tgaatctcta	540
ccattcagca	gcagctggcc	gcgacagtac	caaagctttc	tctgcatttg	ttggacagat	600
gcaccagcaa	ggaatactga	agaccgatga	tctcataaca	aggttctttc	gtctgtgtac	660
tgaaatgtgt	gttgaaatca	gttaccgtgc	tcaggctgag	cagcagcaca	atcctgctgc	720
caatcccacc	atgatccgag	ccaagtgtca	tcacaacctg	gatgcctttg	ttcgactcat	780
tgactgtctc	gtgaaacact	caggggaggg	caccaacact	gtcacaaga	ttaatctgct	840
gaacaaggtc	cttgggtatag	tagtgggagt	tctccttcag	gatcatgatg	ttcgtcagag	900
tgaatttcag	caacttcctc	accatcgaat	ttttatcatg	cttctcttgg	aactcaatgc	960
acctgagcat	gtgttgga	ccattaattt	ccagacactt	acagctttct	gcaatacatt	1020
ccacatcttg	aggcctacca	aagctcctgg	ctttgtatat	gcttggcttg	aactgatttc	1080
ccatcggata	tttattgcaa	gaatgctggc	acatacgcca	cagcagaagg	gggtggcctat	1140
gtatgcacag	ctactgattg	atttattcaa	atatttagcg	cctttcctta	gaaatgtgga	1200
actcaccaaa	cctatgcaaa	tcctctacaa	gggcacttta	agagtgtctg	tggttctttt	1260
gcatgatttc	ccagagttcc	tttgtgatta	ccattatggg	ttctgtgatg	tgatcccacc	1320
taattgtatc	cagttaagaa	atttgatcct	gagtgccttt	ccaagaaaca	tgaggctccc	1380
cgaccatttc	actcctaata	ttaaagggtg	catgttgagt	gaaattaaca	ttgctccccg	1440
gattctcacc	aatttcactg	gagtaatgcc	acctcagttc	aaaaaggatt	tggtatccct	1500
tcttaaaaact	cgatcaccag	tcactttcct	gtctgatctg	cgcagaacct	acaggtatcc	1560
aatgaacctg	ggaatcgcta	caacctccag	ctcatcaatg	caactggtgt	ctatgtcggg	1620
actcaggcca	ttgcgcacat	ccacaacaag	ggcagcacac	cttcaatgag	caccatcatt	1680
cactcagcac	acatggatat	cttccagaat	ttggctgtgg	acttggacac	tgagggtcgc	1740
tatctctttt	tgaatgcaat	tgcaaatcag	ctccggtaac	caaatagcca	cactcactac	1800
ttcagttgca	ccatgctgta	cctttttgca	gaggccaata	cggaagccat	ccaagaacag	1860
atcacaagag	ttctcttgga	acggttgatt	gtaaataggc	cacatccttg	gggtcttctt	1920
attaccttca	ttgagctgat	taaaaaccca	gcgtttaagt	tctggaacca	tgaatttgta	1980
cactgtgccc	cagaaatcga	aaagtatttc	cagtcggtcg	cacagtgtcg	catgggacag	2040
aagcaggccc	agcaagtaat	ggaagggaca	ggtgccagtt	agacgaaact	gcatctctgt	2100
tgtacgtgtc	agtctagagg	tctcactgca	ccgagttcat	aaactgactg	aagaatcctt	2160
tcagctcttc	ctgactttcc	cagccctttg	gtttgtgggt	atctgcccc	actactgttg	2220
ggatcagcct	cctgtcttat	gtgggcacgt	tccaaagtgt	aaatgcattt	ttttgactct	2280
tgGCCAAAAT	ttagaagatg	ctgtgaatat	cattttgaac	ttgtgtaaat	acatgaaaga	2340
ggaaaacctt	tgtctggaac	ttcttggttt	tgtgcaagct	gtgtccaagg	caagtacata	2400
aactggtacc	ttgtaatgaa	gaggcagctg	atgccatgca	cttgtctgag	ggcatagctc	2460
catgtcttct	gacattcctg	gtgtcccaaa	gaatagcaaa	aagccagttt	gaatattatg	2520
taacttattt	ttttaatgtg	gacaggggac	cttgaaaatc	actaagttaa	taaaaaatgt	2580
gatgtgctag	aattggatat	gtccaggaac	atgggaaggg	ctcactattg	gaatccccat	2640
agtttccatt	ttgtctctac	ccaaacgtat	tccaaagctg	actgcatttg	taccatctta	2700
tttcttttgg	ggattatata	cctcagcgcg	ctgagatggg	ggtcagctct	ttatataaag	2760
ggaaacaga	ccaggcctaa	agcccacccc	ctaccctcac	cccccccaaa	atcctctcct	2820
gaaactttta	aaaccagtg	ggatttttag	gaaagggaac	ccaaacccgc	attaattg	2878

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 701 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68:

```

atgatattttt ggatgtagtc ttttgattgt ttaaattctta aaaagtaatg ggatcttttg 60
acactgggggt atgttttatt tttatgtgtg caaattttta ccatattcct ttctagttaa120
agaggaaaaa gcaagttgct ccagaaaaac ctgtaaagaa acaaaagaca ggtgagactt180
cgagagccct gtcattcttct aaacagagca gcagcagcag agatgataac atgtttcaga240
35 ttgggaaaaat gaggtacgtt agtggttcgct atttttaaagg caaagtgtta attgatatta300
gagaatattg gatggatcct gaaggtgaaa tgaaaccagg aagaaaagggt atttctttta360
atccagaaca atggagccag ctgaaggaac agattttctga cattgatgat gcagtaagaa420
aactgtaaaaa ttcgagccat ataaataaaa cctgtactgt tctagtgtgt ttaattctgtc480
40 tttttacatt ggcttttgtt ttctaaatgt tctccaagct attgtatgtt tggattgcag540
aagaattttgt aagatgaata ctttttttta atgtgcatta ttaaaaatat tgagtgaagc600
taattgtcaa ctttattaag gattactttg tctgcccacc acctagtgtt aaataaaatc660
aagtaataca atcttaaaaa aaaaaaaaaa aaaagtcgag c 701

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 817 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69:

gtttttttttt tttttttttt ttttttttaa gcacagaaag cttttattac cacagaggaa 60
 atcaggaaat gctggaggca gcctcgtag ctgtgtgatc agggagggga cagcaggcgg 120
 gaacccgtca tcaatcatgt ctgggcagtc tcccaaccaa caggtttggt tggttcagga 180
 gaggcctttt ctgggctgtg tgtgtgtatg atcaggaagg tcagcctcaa caaatgggct 240
 tcttcctgga cataggacag ccagaatcgg ggacaccagc tgcacagaca ccacottaaa 300
 atggaaatca aattaggttc attacatcag gaagtacatt tcaccctgat cataaaagag 360
 ggacaaggga gcaactgggct ctactggata gcctttcttt tagataagat gcttttaaaa 420
 gttaaacatt ggcagggcct ttcccctagc taacagcaag cagcacacaa ttccaagtca 480
 gcttgtaaag cttttgttat ctttgttatc tgttattatt tggattttga acgaaattga 540
 tggagtagca gccggttagag gaatcctggt tgatctggaa attttccgtg gagagcccaa 600
 aaggtcggag aaccaagttc ccaagatcct ttaatttacc taacatctct tcttttagtc 660
 tttcattacg ttcttcaatt tgcttaggta atctcataca agcttctctt gcttgatgta 720
 ttgatgaagg ttcccgctg ctgtccctc cctgatcaca cagctaacga ggctcctoca 780
 gcatttctg atttctctg tggtaataaa agctttc 817

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2686 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70:

Name: 2678229 Len: 2686 Check: 1F21
 gcaaggccta ctgtcggctg ggaggggagg tgtagccggt ctttgggggt aggcggtagt 60
 ggcggaagag gttcggcggc tgatggcgga tcaggatcgg aagcctgcgt aactttctcc 120
 cttgatccgg gactctttcc actggattca caatgacatc ctttcaagaa gtcccattgc 180
 agacttccaa ctttgcccat gtcacttttc aaaatgtggc caagagttac cttcctaattg 240
 cacacctgga atgtcattac accttaactc catatattca tccacatcca aaagattggg 300
 ttggtatatt caaggttgga tggagtactg ctcgtgatta ttacacgttt ttatgggtccc 360
 ctatgcctga acattatgtg gaaggatcaa cagtcaattg tgtactagca ttccaaggat 420

```

attaccttcc aaatgatgat ggagaatddd atcagttctg ttacgttacc cataaggggtg 480
aaattcgtgg agcaagtaca cttttccagt ttctccagtt gaagagctgc 540
ttactatgga agatgaagga aattctgaca tgttagtggg gaccacaaaa gcaggccttc 600
5 ttgagttgaa aattgagaaa accatgaaag aaaaagaaga actgttaaag ttaattgccg 660
ttctggaaaa agaaacagca caacttcgag aacaagttgg gagaatggaa agagaactta 720
acctagagaa agaaagatgt gaccaactgc aagcagaaca aaagggctct actgaagtaa 780
cacaaagctt aaaaatggaa aatgaagagt ttaagaagag gttcagtgat gctacatcca 840
10 aagcccatca gcttgaggaa gatattgtgt cagtaacaca taaagcaatt gaaaaagaaa 900
ccgaattaga cagttttaaag gacaaactca agaaggcaca acatgaaaga gaacaacttg 960
aatgtcagtt gaagacagag aaggatgaaa aggaacttta taaggtagat ttgaagaata 1020
cagaaataga aaataccaag cttatgtcag aggtccagac tttaaaaaat ttagatggga 1080
acaaagaaag cgtgattact catttcaaag aagagattgg caggctgcag ttatgtttgg 1140
15 ctgaaaagga aaatctgcaa agaactttcc tgcttacaac ctcaagtaaa gaagatactt 1200
gtttttttaa ggagcaactt cgtaaagcag aggaacaggt tcaggcaact cggcaagaag 1260
ttgtctttct ggctaaagaa ctcagtgatg ctgtcaacgt acgagacaga acgatggcag 1320
acctgcatac tgacgccttg gaaaacgaga aagtgaaaaa gcagttagct gatgcagtg 1380
20 cagaacttaa actaatgct atgaaaaaag atcaggacaa gactgataca ctggaacacg 1440
aactaagaag agaagttgaa gatctgaaac tccgtcttca gatggctgca gaccattata 1500
aagaaaaatt taaggaatgc caaaggctcc aaaaacaaat aaacaaactt tcagatcaat 1560
cagctaataa taataatgtc ttcacaaaga aaacggggaa tcagcagaaa gtgaatgatg 1620
cttcagtaaa cacagaccca gccacttctg cctctactgt agatgtaaag ccatcacctt 1680
25 ctgcagcaga ggcagatddd gacatagtaa caaaggggca agtctgtgaa atgaccaaag 1740
aaattgctga caaaacagaa aagtataata aatgtaaaca actcttgca gatgagaaag 1800
caaaatgcaa taaatatgct gatgaacttg caaaatgga gctgaaatgg aaagaacaag 1860
tgaaaattgc tgaaaatgta aaacttgaac tagctgaagt acaggacaat tataaagaac 1920
30 ttaaaaggag tctagaaaaa ccagcagaaa ggaaaatgga agatggagca gatgggtgct 1980
tttaccagaa tgaaatacaa aggccacctg tcagagtccc ctcttgggga ctggaagaca 2040
atgttgtctg cagccagcct gctcgaaact ttagtcggcc tgatggctta gaggactctg 2100
aggatagcaa agaagatgag aatgtgccta ctgctcctga tcctccaagt caacatttac 2160
gtgggcatgg gacaggcttt tgctttgatt ccagctttga tgttcacaag aagtgtcccc 2220
35 tctgtgagtt aatgtttcct cctaactatg atcagagcaa atttgaagaa catgttgaaa 2280
gtcactggaa ggtgtgcccg atgtgcagcg agcagttccc tcctgactat gaccagcagg 2340
tgtttgaaaag gcatgtgcag acccattttg atcagaatgt tctaaatddd gactagttac 2400
tttttattat gagttaatat agtttagcag taaaaaaaaa aaaaaaaacc acacctaaaa 2460
tagaccactg aggagaccat agagcggatg ctttcatgca ccctttactg cactttctga 2520
40 ccaggagcta ctttgagttt ggtgttacta ggatcagggt cagtctttgg cttatcaata 2580
aattttaatc tctgttaatc ttacaaaaat ttaaaaaaaa aaaaaaaat cgtactttat 2640
ttatccctag ttgcagactg ctgaataaag gtcaaggatt atccat 2686

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 827 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71:

```

tagtcgctggg cgcactgggtg tttatccgtc actcgccgag gttccttggg tcatggtgcc 60
agcctgactg agaagaggac ggtcccggga gacgaatgag gaaccacctc ctctactgt120
tcaagtacag gggcctgggtc cgcaaaggga agaaaagcaa aagacgaaaa tggctaaatt180
cgtgatccgc ccagccactg ccgcccactg cagtgcata ctacggctga tcaaggagct240
ggctaaatat gaatacatgg aagaacaagg aatcttaact gaaaaagatc tgctagaaga300
tggttttgga gagcaccctt tttaccactg cctgggtgca gaagtgccga aagagcactg360
gactccggaa ggacacagca ttgttggttt tgccatgtac tattttacct atgaccctgt420
gattggcaag ttattgtatc ttgaggactt cttcgtgatg agtgattata gaggtacgat480
tgagttcggg gcagagggtc tgaagagagt tcagagttat aaatgcttac aatgactttt540
taaattgtac tctttctttt taggcttttg cataggatca gaaattctga agaattctaa600
ccaggatatgt cttagttttt ggtttccaaa tttgtaagtt tactggatta ttttaatat660
ggaataaaaa ttgggtcctt agagcaggct gaaatgtcac tgagtgtgtg ttttactctc720
tcataatagg ttgcaatgag gtgtcgtcgc agcagcatgc actgctgggt accagaatgg780
aatgaacctt ccatcagctt cgagaaaaga ggaggggctt ctgatct 827

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 922 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72:

```

ctgctctgaa aagccatctt tgcattgttc ctcacccgcc tccttgctcg cggcagccgc 60
ctccgcgcgc cgcctcctcc gccgcgcgcg actccggcag ctttatcgcc agagtccctg120
aactctcgct ttctttttta tcccctgcat cggatcaccg gcgtgcccc aatgtcaga180
cgcagccgta gacaccagct ccgaaatcac caccaaggac ttaaaggaga agaaggagt240
tgtggaagag gcagaaaatg gaagagacgc ccctgctaac gggaatgcta atgaggaaaa300
tggggagcag gaggctgaca atgaggtaga cgaagaagag gaagaagggg ggtgatggtg360
aggaagagga tggagatgaa gatgaggaag ctgagtcagc tacgggcaag cgggcagctg420
aagatgatga ggatgacgat gtcgatacca agaagcagaa gaccgacgag gatgactaga480
cagcaaaaaa ggaaaagtta aactaaaaaa aaaaaggccg ccgtgacctt ttcacctcc540
acttccogtc tcagaatcta aacgtggtca ccttcagta gagaggcccg cccgccacc600

```

gtgggcagtg ccacccgcag atgacacgcg ctctccacca cccäaccäaa accatgagaa660
 ttgcaacag gggagggaaa aaggaccaa acttccaagg ccctgctttt ttcttaaaa720
 gtactttaaa aaggaaattt gtttgtatgt tctatttaca ttgatagtg ttgtacatat780
 5 tggttaggggt caaccatttt taatgatctc ggatgaccaa accagccttc ggaagcggttc840
 tctggcctac ttctggactt ttacgttggg ggggtgttga ccatgttcaa ttataatccc900
 aaaaggggga aaaaaaacct tt 922

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 870 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73:

ggaagtggcg gtgcgagggc tgctgcacag cgagcggagc cgcggtccgg acggcagcgc 60
 gtgccccgag ctctccgcct cccccgcgcc gccagccgag gcagctcgag ccagtcgcgc120
 ggccccagca gcagcgccga gagcagcccc agtagcagcg ccatggccgg gtggaacgcc180
 45 tacatcgaca acctcatggc ggacgggacc tgtcaggacg cggccatcgt gggctacaag240
 gactcgccct ccgtctgggc cgccgtcccc gggaaaacgt tcgtcaacat cacgccagct300
 gaggtgggtg tctgtgttg caaagaccgg tcaagtttt acgtgaatgg gctgacactt360
 gggggccaga aatgttcggg gatccgggac tcaactgtgc aggatgggga atttagcatg420
 gatcttcgta ccaagagcac cgggtggggcc ccaccttca atgtcactgt caccaagact480
 50 gacaagacgc tagtctgtct gatgggcaa gaaggtgtcc acgggtggtt gatcaacaag540
 aaatgttatg aaatggcctc ccaccttcgg cgttcccagt actgacctcg tctgtccctt600
 ccccttcacc gctccccaca gctttgcacc cctttcctcc ccatacacac acaaacatt660
 ttattttttg ggccattacc ccataccctt tattgctgcc aaaaccacat gggctggggg720
 55 ccagggtctg atggacagac acctccccct acccatatcc ctcccgtgtg tgggtggaaa780
 acttttgttt ttgggggttt ttttttctg aataaaaaag attctactta acaaaaaaaaa840
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaggggggg 870

60 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 65 (A) LÄNGE: 1418 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74:

```

ataaaagagg aaagagtgcc caggtcttca ctccactgcg actgcagaac tcagagctgc 60
tcttcctctg tggccagttg gggaccagca tcatgaagtg gatggtggtg gtcttggtct 120
gcctccagct cttggaggca gcagtggta aagtgccctt gaagaaattt aagtctatcc 180
gtgagaccat gaaggagaag ggcttgctgg gggagttcct gaggaaccac aagtatgac 240
ctgcttggaa gtaccgcttt ggtgacctca gcgtgacctc cgagcccatg gcctacatgg 300
atgctgccta ctttggtgag atcagcatcg ggactccacc ccagaacttc ctggctcctt 360
ttgacaccgg ctctccaac ttgtgggtgc cctctgtcta ctgccagagc caggcctgca 420
ccagtcactc ccgcttcaac cccagcgagt cgtccacctc ctccaccaat gggcagacct 480
tctccctgca gtatggcagt ggcagcctca ccggttctt tggctatgac accctgactg 540
tccagagcat ccaggtcccc aaccaggagt tcggttgag tgagaatgag cctggtacca 600
acttctgtta tgcgcagttt gatggcatca tgggcctggc ctaccctgtc ctgtccgtgg 660
atgaggccac cacagctatg cagggcatgg tgaggaggag cgcctcacc agccccgtct 720
tcagcgtcta cctcagcaac cagcagggtc ccagcggggg agcggttgtc tttgggggtg 780
tggatagcag cctgtacacg ggcagatct actgggcgcc tgtcaccacg gaactctact 840
ggcagattgg cattgaagag ttctcatcg gcggccaggc ctccggtgtg tgttctgagg 900
gttgccaggc catcgtggac acaggcacct ctctgtcac tgtgccccag cagtacatga 960
gtgctcttct gcaggccaca ggggccagg aggatgagta tggacagttt ctctgaact1020
gtaacagcat tcagaatctg cccagcttga ccttcacat caatggtgtg gagttccctc1080
tgccaccttc ctctatatc ctacagtaaca acggtactg caccgtggga gtcgagccca1140
cctacctgtc ctcccagaac ggccagcccc tgtggatcct cggggatgtc ttctcaggt1200
cctactatct cgtctacgac ttgggcaaca acagagtagg ctttgccact gccgcctaga1260
cttgctgcct cgacacgtgg gctccctct tctcttgac cctgcaacct cctagggcat1320
tgtatctgtc tttccactct ggattcagcc ttctttttct ggactctgga ctttctctaa1380
taataaatag ttcttctttt aaaaaaaaa aaaaaaaa 1418

```

25

30

35

40

45

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

(A) LÄNGE: 3041 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75:

```

15  ccgtacacca aaaacctcca atccctatcc ccgacgaccg gatcctgagg aggcagctgc 60
    ggtggcactg tgctgttctc ggtgaaggta tttcatttct cctgaccctt ccaactcccc 120
    cccccacccc atctattaat attattcttt tgaagattct tcgttgtcaa gccgccaaag 180
    20  tggagagtgc gattgcagaa gggggtgctt ctcgtttcag tgcttcttog ggccggaggag 240
    gaagtagggg tgcacctcag cactatccca agactgctgg caacagcgag ttccctgggga 300
    aaaccccgagg gcaaacgcgt cagaaatgga ttccctgcacg aagcactaga cgagatgaca 360
    actccgcagc aaacaactcc gcaaacgaaa aagaacgaca tgatgcaatc ttcaggaaag 420
    taagaggcat actaaataag cttactcctg aaaagtttga caagctatgc cttgagctcc 480
    25  tcaatgtggg tgtagagtct aaactcatcc ttaaaggggt catactgctg attgtggaca 540
    aagccctaga agagccaaag tatagctcac tgtatgctca gctatgtctg cgattggcag 600
    aagatgcacc aaactttgat ggcccagcag cagagggtca accaggacag aagcaaagca 660
    ccacattcag acgcctccta atttccaaat tacaagatga atttgaaaac cgaactagaa 720
    atgttgatgt ctatgataag cgtgaaaatc cctcctccc cgaggaggag gaacagagag 780
    30  ccattgctaa gatcaagatg ttgggaaaca tcaaattcat tggagagctt ggcaagcttg 840
    atcttattca cgaatctatc cttcataagt gcatcaaaac acttttggaa aagaagaaga 900
    gagtccaact caaagatatg ggagaggatt tggagtgcct ctgtcagata atgaggacag 960
    tgggacctag attagaccat gaacgagcca agtccttaat ggatcagtag tttgcccgaa1020
    tgtgtctcctt gatgttaagt aaggaattgc cagcaaggat tcgtttcctg ctgcaggata1080
    35  ccgtagagtt gcgagaacac cattgggttc ctgcgaaggc ttttcttgac aatggacca1140
    agacgatcaa tcaaattcgt caagatgcag taaaagatct aggggtgttt attcctgctc1200
    ctatggctca agggatgaga agtgacttct ttctggaggg accgttcagc ccaccaggaa1260
    tgaaaatgga tagggaccca cttggaggac ttgctgatat gtttggacaa atgccaggta1320
    gcggaattgg tactgggtcca ggagttatcc aggatagatt ttcacccacc atgggacgtc1380
    40  atogttcaaa tcaactcttc aatggccatg ggggacacat catgcctccc acacaatcgc1440
    agtttggaga gatgggaggc aagtttatga aaagccagat tagcctgagg cctgctcagt1500
    cgttcctaata gaataaaaat caagtgccaa agcttcagcc ccagataact atgattcctc1560
    ctagtgcaca accaccacgc actcaaacac cacctctggg acagacacct cagcttggtc1620
    45  tcaaaaactaa tccaccactt atccaggaaa agcctgccaa gaccagcaaa aagccaccac1680
    cgtcaaagga agaactcctt aaactaactg aaactgttgt gactgaatat ctaaatagt1740
    gaaatgcaaa tgaggctgtc aatggtgtta gagaaatgag ggctcctaaa cactttcttc1800
    ctgagatgtt aagcaaagta atcatcctgt cactagatag aagcgatgaa gataaagaaa1860
    aagcaagttc tttgatcagt ttactcaaac aggaagggat agccacaagt gacaacttca1920
    50  tgcaggcttt cctgaatgta ttggaaccagt gtcccaaaact ggaggttgac atccctttgg1980
    tgaaatccta tttagcacag tttgcagctc gtgccatcat ttcagagctg gtgagcattt2040
    cagaactagc tcaaccacta gaaagtggca cccattttcc tctcttcta ctttgtcttc2100
    agcagttagc taaattacaa gatcgagaat ggtaaacaga actttttcaa caaagcaggaa2160
    agcgaagggt ccaatatgca gaaaatgctc ccagaaattg atcagaataa ggaccgcatg2220
    55  ttggagattt tggaaggaaa gggactgagt ttcttattcc cactcctcaa attggagaag2280
    gaactgttga agcaataaaa gttggatcca tccctcctaaa ccatatataa atggattaaa2340
    gataacatct ctcccaaaact tcatgtagat aaaggatttg tgaacatctt aatgactagc2400
    ttcttacagt acattttctag tgaagtaaac ccccccagcg atgaaacaga ttcacctctc2460
    gctccttcca aagaacagtt agagcaggaa aaacaactac tactatcttt caagccagta2520
    60  atgcagaaat ttctttcatg tcaogttgat ctacaagtca gtgcctgtga tgctctccag2580
    gtgcactgct ataacagcaa cttcccaaaa ggcatgttac ttogcttttt tgtgcacttc2640
    tatgacatgg aaattattga agaagaagct ttcttggttt ggaaagaaga tataacccaa2700
    gagtttccgg gaaaaggcaa ggctttgttc caggtgaatc agtggttaac ctggttagaa2760
    actgctgaag aagaagaatc agaggaagaa gctgactaaa gaaccagcca aagccttaaa2820
    65  ttgtgcaaaa catactgttg ctatgatgta actgcatttg acctaacacc tgcgaaaatt2880
    cattccgctg taatgttttc acaatattta aagcagaagc acgtcagtta ggatttcctt2940
    ctgcataagg tttttttgta gtgtaatgtc ttaatcatag tctaccatca aatatatttag3000
    gagtatcttt aaaagttagg cggtaggttt ttttggccgg c 3041

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1712 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76:

```

gtggcagaaa acctcatgac acaatctctc cgctccctg tgttggtgga ggatgtotgc 60
agcagcattt aaattctggg agggcttggt tgtcagcagc agcaggaggg gcagagcaca 120
gcatcgtogg gaccagactc gtctcaggcc agttgcagcc ttctcagcca aacgccgacc 180
aaggaaaact cactaccatg agaattgcag tgatttgctt ttgcctccta ggcacacact 240
gtgccatacc agttaaacag gctgattctg gaagttctga ggaaaagcag ctttacaaca 300
aatacccaga tgctgtggcc acatggctaa accctgacct atctcagaag cagaatctcc 360
tagccccaca gaatgctgtg tctctgaag aaaccaatga ctttaacaa gagacccttc 420
caagtaagtc caacgaaagc catgaccaca tggatgatat ggatgatgaa gatgatgacg 480
accatgtgga cagccaggac tccattgact cgaacgactc tgatgatgta gatgacactg 540
atgattctca ccagtctgat gagtctcacc attctgatga atctgatgaa ctggctactg 600
atcttccac ggacctgcca gcaaccgaag ttttactcc agttgtcccc acagtagaca 660
catatgatgg ccgaggtgat agtgtggttt atggactgag gtcaaaatct aagaagtctc 720
gcagacctga catccagtac cctgatgcta cagacgagga catcacctca cacatggaaa 780
gcgaggagtt gaatggtgca tacaaggcca tccccgttgc ccaggacctg aacgcgcctt 840
ctgattggga cagccgtggg aaggacagtt atgaaacgag tcagctggat gaccagagtg 900
ctgaaaccca cagccacaag cagtcagat tatataagcg gaaagccaat gatgagagca 960
atgagcattc cgatgtgatt gatagtcagg aactttccaa agtcagccgt gaattccaca1020
gccatgaatt tcacagccat gaagatatgc tggttgtaga ccccaaaagt aaggaagaag1080
ataaacacct gaaatttctg atttctcatg aattagatag tgcattctct gaggtcaatt1140
aaaaggagaa aaaatacaat ttctcacttt gcatttagtc aaaagaaaaa atgctttata1200
gcaaaatgaa agagaacatg aaatgcttct ttctcagttt attggttgaa tgtgtatcta1260
tttgagtctg gaaataacta atgtgtttga taattagttt agtttggtgc ttcattgaaa1320
ctccctgtaa actaaaagct tcagggttat gtctatgttc attctataga agaaatgcaa1380
actatcactg tattttaata tttgttattc tctcatgaat agaaatttat gtagaagcaa1440
acaaaatact tttaaccact taaaagaga atataacatt ttatgtcact ataattcttt1500
gttttttaag ttagtgtata tttgttgtg attatctttt tgtggtgtga ataatcttt1560
tatcttgaat gtaataagaa tttggtggtg tcaattgctt atttgttttc ccacggttgt1620
ccagcaatta ataaaacata acctttttta ctgcctaaaa aaaaaaaaga gaääagaaaa1680
aaaagaaaag aaaaaaaggg gagggagggg ag

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2273 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77:

```

ctcgagccgc aacagtctaa ttgtaggata tgtaatagga atcaacaagc taccocaggg 60
cccgcataca gtggtogaga gacaatatac cccaatgcat ccctgctgat ccagaacgtc 120
accagaatg acacaggatt ctatacccta caagtcataa agtcagatct tgtgaatgaa 180
gaagcaaccg gacagttcca tgtatacccg gagctgcca agccctccat ctocagcaac 240
aactccaacc cagtggagga caaggatgct gtggccttca cctgtgaacc tgagggttcag 300
aacacaacct acctgtggtg ggtaaattgt cagagcctcc cggtcagtcc caggctgcag 360
ctgtccaatg gcaacatgac cctcaactta ctcagcgtca aaaggaacga tgcaggatcc 420
tatgaatgtg aaatacagaa cccagcagat gccaacgca gtgaccagt caccctgaat 480
gtcctctatg gccagatgg cccaccatt tccccctcaa aggccaatca ccgtccaggg 540
gaaaatctga acctctcctg cccagcagcc tctaaccac ctgcacagta ctcttggttt 600
atcaatggga cgttccagca atccacacaa gagctcttta tccccaatca cactgtgaat 660
aatagcggat cctatatgtg ccaagcccat aactcagcca ctggcctcaa taggaccaca 720
gtcacgatga tcacagtctc tggaagtgtc cctgtcctct cagctgtggc caccgtcggc 780
atcacgattg gagtgtcggc cagggtggct ctgatatagc agccctggtg tattttcgat 840
atttcaggaa gactggcaga ttggaccaga ccctgaattc ttctagctcc tccaatccca 900
ttttatccca tggaaacct aaaaacaagg tctgtctctg tcctgaagcc ctatatgctg 960
gagatggaca actcaatgaa aatttaaagg gaaaaccctc aggcctgagg tgtgtgccac1020
tcagagactt caccctaacta gagacagtca aactgcaaac catggtgaga aattgacgac1080
ttcacactat ggacagcttt tcccaagatg tcaaaacaag actcctcatc atgataaggc1140
tcttaccccc ttttaatttg tcttgcttta tgctgcctc ttctgcttgg caggatgatg1200
ctgtcattag tatttcaca gaagtagctt cagagggtaa cttaacagag tatcagatct1260
atcttgtcaa tcccaacgtt ttacataaaa taagagatcc tttagtgcac ccagtgcactg1320
acattagcag catctttaac acagccgtgt gttcaaattg acagtgtgctc ttttcagagt1380
tggaacttcta gactcacctg ttctcaactc ctgttttaac tcaaccagc catgcaatgc1440
caaataatag aattgctccc taccagctga acagggagga gtctgtgcag tttctgacac1500
ttgttgttga acatggctaa atacaatggg tatcgtgag actaagttgt agaaattaac1560
aaatgtgctg cttgggttaa atggctaac tcatctgact cattctttat tctatttttag1620
ttggtttgta tcttgccctaa ggtgcgtagt ccaactcttg gtattaccct cctaatagtc1680
atactagtag tcataactccc tgggtgtagtg tattctctaa aagctttaaa tgtctgcatg1740

```

```

cagccagcca tcaaatagtg aatgggtctct ctttggctgg aattacaaaa ctcagagaaa1800
tgtgtcatca ggagaacatc ataacccatg aaggataaaa gcccctaatg gtggtaactg1860
ataatagcac taatgcttta agatttgggc acactctcac ctagggtgagc gcattgagcc1920
agtgggtgcta aatgctacat actccaactg aaatgttaag gaagaagata gatccaatta1980
aaaaaaaaa aaaccaatct aaaaaaaaaa agaacacagg agattccagt ctacttgagt2040
tagcataata cagaagtccc ctctacttta actttttacaa aaaagtaacc tgaactaatc2100
tgatgttaac caatgtatct atttctgtgg ttctgtttcc ttgttccaat ttgacaaaac2160
ccactgttct tgtattgtat tgcccagggg gagctatcac tgtacttgta gagtgggtgct2220
gctttaattc ataaatcaca aataaaagcc aattagctct ataactaaaa aaa 2273

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1273Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78:

```

accgcccccg ctgtgggtct cagcagctcg ggcgggcgga ggggtggcag cggcaaggca 60
gccagtttcc gcaaggctg tgggcccgc gggcccgc gccacccggc acgcgccttc 120
cccgccaggca ccgggcacgc gccttccccg ccgccacgat gcccaagagg aaggtcagct 180
ccgcccgaagg gccgccaaag aagagcccaa gaggagatcg gcgcggttgt cagctaaacc 240
tcttgcaaaa gtggaagcga accgaaaaag gcagcagcga aggataaatc ttcagacaaa 300
aaagtgcata caaaaggaaa aaggggagca aagggaaaac aggccgaagt ggctaacc 360
gaaactaaaag aagacttacc tgcggaaaac ggggaaaacga agactgagga gagtccagcc 420
tctgatgaag caggagagaa agaagccaag tctgattaat aaccatatac catgtcttat 480
cagtgggtccc tgtctccctt cttgtacaat ccagaggaat atttttatca actattttgt 540
aaatgcaagt ttttttagtag ctctagaaac atttttaaga aggagggaat ccacctcat 600
cccatttttt aagtgtaaat gctttttttt aagaggtgaa atcatttgct gggtgtttat 660
tttttggtac aaccagaaaa tagtgtggga tattgaatta tgggagggtc tgactgtctc 720
gggtgtcagc ttaacattcc acagatgggg ggtagttttt tatatcctat aatacaaaagc 780
atattaaatg gcaatatgga gtcagtcctg catttaattg cttgaacatt ttaaattact 840
tctattacca tgttggtttt tagtagaatt gtttcctaaa gaaaaccact ctttgatcat 900
ggctctctct gccagaattg tgtgcactct gtaacatctt tgtggtagtc ctgttttctc 960
aataactttg ttaactgtgt gtgaaagatt acagatttga acatgtagtg taactgtgtg 1020
tgagttgtga actgggtggc cgtatgtaac agctgaccaa cgtgaagata ctgggtacttg 1080
atagcctctt aaggaaaatt tgcttccaaa ttttaagctg gaaagtcact ggaataactt 1140
taaaaaagaa ttacaatata tggcttttta gaatttcgtt acgtatgtta agatttgtgt 1200
acaaattgaa atgtctgtac tgatcctcaa ccaataaaat ctcagtttat aaaataaaaa 1260
aaaaaaaaa aaa 1273

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2342 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79:

```

cctcggacca cgggactggc ctggggcggg acgtgggcgc gggggcggcg ogtggggcac 60
gctgcagggc tgaagcggcg gcggcgggtg ggactgcacg tagcccgcg ctcggcatgg 120
ctctcctggt gctcgggtctg gtgagctgta ccttctttct ggcagtgaat ggtctgtatt 180
cctctagtga tgatgtgatc gaattaactc catcaaattt caaccgagaa gttattcaga 240
gtgatagttt gtggcttgta gaattctatg ctccatgggt tggtcactgt caaagattaa 300
caccagaatg gaagaaagca gcaactgcat taaaagatgt tgtcaaagtt ggtgcagttg 360
atgcagataa gcatcattcc ctaggaggtc agtatggtgt tcagggattt cctaccatta 420
agatttttgg atccaacaaa aacagaccag aagattacca aggtggcaga actggtgaag 480
ccattgtaga tgctgcgctg agtgctctgc gccagctcgt gaaggatcgc ctogggggac 540
gaagcggagg atacagttct ggaaaacaag gcagaagtga tagttcaagt aagaaggatg 600
tgattgagct gacagacgac agctttgata agaattgtct ggacagtga gatgtttgga 660
tggttgagtt ctatgctcct tgggtgaggac actgcaaaaa cctagagcca gagtgggctg 720
ccgcagcttc agaagtaaaa gagcagacga aaggaaaagt gaaactggca gctgtggatg 780
ctacagtcaa tcaggttctg gcctcccgat acgggattag aggatttctt acaatcaaga 840
tatttcagaa aggcgagctc cctgtggatt atgacggtgg gcggacaaga tccgacatcg 900
tgtcccgggc ccttgatttg ttttctgata acgccccacc tcctgagctg cttgagatta 960
tcaacgagga cattgccaag aggacgtgtg aggagacca gctctgtgtt gtggctgtgc1020
tgccccatat ccttgatact ggagctgcag gcagaaattc ttatctggaa gttcttctga1080
agttggcaga caaatacaaa aagaaaatgt gggggtggct gtggacagaa gctggagccc1140
agtctgaact tgagaccgcg ttggggattg gagggtttgg gtaccccgcc atggccgcc1200
tcaatgcacg caagatgaaa tttgctctgc taaaaggctc cttcagttag caaggcatca1260
acgagtttct cagggagctc tcttttgggc gtggctccac ggcacctgta ggaggcgggg1320
ctttccctac catcgttgag agagagcctt gggacggcag ggatggcgag cttcccgtag1380
aggatgacat tgacctcagt gatgtggagc ttgatgactt agggaaagat gagtgtgtgag1440
agccacaaca gaggcttcag accattttct tttcttggga gccagtggat tttccagca1500
gtgaagggac attctctaca ctcatagac tctaccagtg gccttttaac caagaagtag1560
tacttgattg gtcatttgaa aacactgcac cagtgaactt ttgcatctca agaaaacatt1620
gaaaaattct atgaattgtt gtacgggtg aattgagtcg tattctgtca cataatat1680
tgaagaaaac ttggctgtcg aaacattttt ctctctgact gctgcttgaa tgttcttgg1740
ggctgtttct tatgtatggg ttttttttaa tgtgatccct tcatttgaat attaatggct1800

```



```

ttttccatta aagaataaaa tattttggac aatgccgata aatgtatgaa gttagtatcc1860
acatcataaa ttcagagtga tgtttagcag taaatcaata ttttgaagtg atacacagat1920
gtcttttctc cccacaaact tttttaaaca aaaaacaaga cctcttttct ttagatggtg1980
ccacctatgc ccaccacaac agagatttta catggaaacc gggctcagtg agaactgatt2040
tcctgccccaa tatttgtctt tgggctgtct ctagtgacta attattaagg aatctagctg2100
gttatacagt tcaaggcttt ctatgttgtt aatgaacctc aaaatagccg ttaagacatg2160
aaatacagca gcaggttacc aatgcgaaca ggtagttcgc atttatgtaa aacattcaga2220
aaatgaagtt ttgaatttgt tggaacattc aaaggacttg agagcatttt attgtaactt2280
aaaaaataaa atacaactgt cactaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2340
aa

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1959 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80:

```

gcagttatat aataagtttg ggagacaaaa tgatacgcac acgagagaag atgaagaaga 60
tactcaaagt tocaaactct agaacaatca tttgtactct aatccaatca aagaagaaat 120
gactgagtct aagttctcta agtactctga aatgagttag gaaaaacgag ccaaacttcg 180
tgaaattgag ctcaaagtta tgaagtttca ggatgaattg gaatctggga aaagacctaa 240
aaaaccaggc cagagttttc aggagcaagt agaacactac agagataaac ttcttcaacg 300
agagaaagag aaagagtttag aaagagaacg agaaagagac aagaaagata aagaaaaatt 360
ggaatctcgc tccaaagaca agaaggaaaa agatgagtgt actccgacaa ggaaggaaaag 420
gaagaggcga cacagtacat cccccagccc atctcgcagt agcagtggta gacgagttaa 480
atccccatca ccaaaatcgg agcgatcaga gcgttcagaa agatctcata aagagagctc 540
acggtocagg tcatctocaa aagattctcc tagagatgtt agcaaaaaag ccaaaaagatc 600
accatctggg tcaaggacac ctaaaaggtc taggcgatca cggcttagat ctccataaaa 660
atcaggaaaag aagtccagat ccaggtccag atctccacac aggtctcata aaaagtcaaa 720
gaaaaacaaa cactgacgta aatttttaag atgctgtcac ttattggaaa tgcgatttgt 780
tttgtgcctg aacgggtctgt tttttaaaaa aacaaaaaat caaatgaaag agcattcctg 840
gggttttttg ttgttttggt tatgcatgtg taaactcatg agcaactgca tctgtagatc 900
tgtattgttt ttattattgt taaattactt tcattgtggc tatttctcaa gatgaaattt 960
ttattgtttc aatggatttc atcagaaatg tgtataatgg atctgctgac agtagtagta1020
ttttgtttta ggatgtttgt acttagcaaa aataatacag atgtcttccc cctttttgta1080
gctttgacaa tttgaattag atttcaaata aaatctgaac agaaaactat aatgttgttt1140
ttttgcccc aagggtgatat taagtccctt aaagtcctac tgagtttcac actactgttg1200
tgcttcttat acctgatgca ctttataago ccagtggttc aagtagctta agttttatat1260

```

```

ttactaagat gactatccaa attaaggagc ctgagactcc tatttgggtgg tttgctaacc1320
atattgctttt gataagtttc tcttgggtaa tactaatacc cagatatcaa agactaggta1380
gatatggcat ggcgttttgt tagtggaatg cctggctaaa acattttttt cacagaagca1440
5  atatgatttc catabatcca acccatgttc tgagcaacta cttactttta gggggaaatt1500
aaatatcttt tcatttcctc ttctattatg aaagaagttt atttgtaaaa caaattttct1560
aacaagggtt ggccatagaa ttctcttgta tgattgttga ccttttataa tcttctgtag1620
gctatctttc aaacactggc atcagaatat tttttataag tttgtgttta aacagcttag1680
10 ttgggtcccc cccctactcc caagagactt ggggttagtt atagctttaa gtaaaattta1740
aaaataaaat gtttttcagg aaacttcgta tctaattggt tgtaaaattca aggtgcaaaa1800
agttgattta aaccatttgc agagttgaac tctattatga aaataaattt gctacgggtat1860
gaggaagaaa taaaacttgt gtaatgttgg tcataatact gctataaata taataaagggt1920
ttatgtagaa ttgaactgac aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1959

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3708 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81:

```

gccccctatta tcacgcacgg tagacaagct tttttttttt ttttttttta cagcttataa 60
cacaactttt attagaaaag ttatacataa catagcatca actattttca agaacaatat 120
taaaccggat aagcaacaaa aaccagacta acaaaatgtg taacaagaaa ctaatgacct 180
ttctaaaatc aaacattcaa ttatctacaa tgtcttttta caaacgggga aaactccttg 240
gtttacaggc acatcatatt gaataataag ctgcaatagc aattttatac aattaccact 300
ctgaagaaac tgaatcatta aaacagtaat tacgagttca caaatttaaa acatttcaca 360
55 taatttttaa ttattgggta tacactgaag tctgagtttc aaaagtgatt tttttttccc 420
acaaaagtgt caacacttaa gctagaactt tcagtgttaa ctttgcccta aaaagttaag 480
acatattctg ataatacata cagtcacatg atttctgatg ctatctggtc tggttaataat 540
aaagtcttta tttggatgta tttttcttca attaaattac aggaaactgg atataggatt 600
tcgttgcaac gctattaaag ttccaaacca ggagtgtgca gcaactggaa aggagatcag 660
60 tactaaaact tacaataaat atcagagaag ccgttagttt ttacagcatc gtctgcttaa 720
aagctaagtt gaccaggtgc ataatttccc atcagtctgt ccttgtagta ggcagggcaa 780
tttctgtttt catgacgga atactcaaat atatccaaac atctttttta aactttgatt 840
tatagctcct agaaagttat gttttttaat agtcaactta ctctaatacag gcctagcttt 900
65 gctcattttg gagcctcact aaaataacag atttcagtat agccaagtgc atcagaaaga 960
ctcaaattga atgatttaca aaatagaaca ctttaaacca ggtcagtcct atctttttgt1020
agctgaaggc tatcagtcac aacacaattt cgcgtacacc tctgctcatt atggaattac1080
acttaaaacg aatctcaaga gggtgaccat tgttggttca gataccatcc ctaaggagag1140

```

tggttaacag	gaagattgcc	agtgttactg	atggaaagaa	gtgtttgttt	gttttttttt1200	
cttgtcaaa	acttacacca	tagtttttaa	ttaaactgtc	aggcattttc	tcagacaggt1260	
tttctttttc	aatgcagtaa	tgaagaacta	agataaaaa	catgactttt	gactgccact1320	5
caacattatt	acatgcacca	atattgcaca	catctgttct	gaactgttaa	aatcatcttc1380	
tgagtccctt	gggtgctgtt	ttctccatca	gaacacaaac	acaacccatc	taactagttt1440	
ccctcaaaga	tgaatttgac	aaattttaat	tactggaaaa	aaatgaagaa	ggaaaaaggc1500	
aaagactttg	tacagacaaa	aatctaagtt	ttctcaaagg	gttctgtgtc	ccctacacat1560	
gggggcaatt	tgttaagcact	agtgaatcaa	acactagcta	taatgcttct	agctccttat1620	10
ataatatgga	accttggtcc	agggtgttgc	atgatgtcac	tgtacgggtc	ttcctgtgtc1680	
agctcaatag	cttgctgctt	tttaagaacc	aagaagctgt	agaactttgc	ggcagcttgt1740	
tttctgttgc	tatttcgaca	taactcaagc	aaactgatag	attcagctcc	agtttttagca1800	
agagcacgct	gaagaccatg	aagcatctgc	tgagtccttt	tgttccatct	tctttcttcc1860	
tgatcttgat	cgccccctga	tgcactctca	tcctcttcc	cttcatcatc	ttctttttcc1920	15
ttctctttct	ccttctcttt	ttctggcaga	agttctaact	ctgggtattg	ctgacagata1980	
tttgagggtt	cttctggggg	aagctctaca	ggtggtattt	cccatctgct	ctgggtcaat2040	
ttgtccagct	tttcgcttaa	ctccctgagg	tggtgggtga	ggcatagctg	actcatctat2100	
gtttgtttct	ctggcctcca	tcactgactc	ctggaggcgg	cttggctctt	caataatggg2160	20
ctcatcgata	acatcacgct	gctgatgctg	ctgttgctgg	tcctctctag	gaacctctgg2220	
attttcaaat	tctttgagga	attcatccaa	attatctgcc	tctcctcctt	tcctcctttt2280	
totaaggctc	tctggtacaa	gcggtgtaag	acagcgtgta	aagagcttca	gtagtctgtt2340	
attccacaaa	ggctgagcag	gtaaagaaaa	cagtttttct	actcctcctg	tctctttcca2400	
catcatcaat	ttcttggtgg	cggtgccaga	tccaaagtag	taacaatatc	tgaataatca2460	25
ctaagttggg	ctctaattgt	cttgctatcc	aactccttga	caactgtcaac	aattagcttc2520	
ctcttctctc	tggtctttgt	ttctttaaca	gttatatcaa	taggctccaa	tgcaaatgct2580	
totttctcat	ttggaacaag	tgttgtttga	tcagtcatgg	ttggcattgg	ttcaacggga2640	
tccactgaat	caggactatc	aggcccaccc	attgatacat	tatcatcctc	atccatatcg2700	
taagtgtcag	gctgctctgg	caacatcacc	cctgcctcag	agagggcagg	gggatcatca2760	30
aagataccgc	catcattatt	actaataagt	ttgtcatcta	atattccacc	atcatttctc2820	
tctocaaaa	tatcatcctt	atattgatct	tcataattcta	aatgggtaat	tttctcatto2880	
agattgctgg	tgtctgttgc	agactcta	aggaggttag	aagtagtagt	gcttactaac2940	
atgtcgtcat	cctcaaaagc	actgccttct	ctcattatct	cacgatcatc	cattccaaaa3000	35
tcacccaaa	cattttcttg	taaaatactg	atgttcccaa	cttcttctct	catggttatc3060	
tcttccactc	tactctgatt	caagctgaac	tgctgggcca	catcgatgtc	atctaagtca3120	
ggcagtggtc	gatcaaagtc	atgaaattct	tcaggtaaag	taatggcatt	ataagctgct3180	
tcccgatttt	cctcaggcag	gtcaaccaca	cctgcccga	aagccatctt	tatcttaatg3240	
aatgcttcat	tacagtctgc	aagaaggat	ttggctttcc	tgtgatagat	tcgaactact3300	40
cccagaaga	gatgtcctga	tgtccgta	gccattttta	cctttgggtga	gatgatactc3360	
ttccacgctg	ctctctaaat	tacactcgaa	cacatgggct	ttgggttagct	tcttatocca3420	
atgggcogct	agccaaatc	ttgccagagg	ccctctttta	ctgagaacaa	aatgtgcgta3480	
gaacattgtt	ctggctggct	atgaaaacag	aagaaaacct	tgctctccgc	tgggagttgg3540	45
gcgggctggg	tggcccgggg	aggggaaaag	ggtcggggga	gggggtgggg	aaagggggga3600	
goccttgoga	ggtgtagctt	ccgagcagct	ccccggcccc	cacagccggc	gcctccttcc3660	
cgattcactc	aaacaaacaa	gatggctgcc	gttaaccgcg	ggctcttc	3708	

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3045 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82:

```

15  gtccattgcc caaaatccgc tatgaaagct tgaccaatcc ccagtaaatt agacctctgg 60
    gaaaagagct gccatattac ccatacccca aacaaccaag atcgaactct cactattgtg 120
    gatactggaa ttggaatgac caaggctgac ttgatcaata accttggtag tatcgccaag 180
    totgggacca aagcgttcat ggaagctttg caggctgggtg cagatatctc tatgattggc 240
    cagttcgggtg ttggttttta ttctgcttat ttggttgctg agaaagtaac tgtgatcacc 300
    aaacataacg atgatgagca gtacgcttgg gagtcctcag cagggggatc attcacagtg 360
    20  aggacagaca caggtgaacc tatgggtcgt ggaacaaaag ttatcctaca cctgaaagaa 420
    gaccaaactg agtacttgga ggaacgaaga ataaaggaga ttgtgaagaa acattctcag 480
    tttattggat atcccattac tctttttgtg gagaaggaa gtgataaaga agtaagcgat 540
    gatgaggctg aagaaaagga agacaaagaa gaagaaaaag aaaaagaaga gaaagagtcg 600
    25  gaagacaaac ctgaaattga agatggttgg tctgatgagg aagaagaaaa gaaggatggg 660
    gacaagaaga agaagaagaa gattaaggaa aagtacatcg atcaagaaga gctcaacaaa 720
    acaaagccca tctggaccag aaatcccgac gatattacta atgaggagta cggagaattc 780
    tataagagct tgaccaatga ctgggaagat cacttggcag tgaagcattt ttcagttgaa 840
    30  ggacagttgg aattcagagc ctttctattt gtcccacgac gtgctccttt tgatctgttt 900
    gaaaacagaa agaaaaagaa caatatcaaa ttgtatgtac gcagagtttt catcatggat 960
    aactgtgagg agctaattcc tgaatatctg aacttcatta gaggggtggg agactcggag1020
    gatctccctc taaacatata ccgtgagatg ttgcaacaaa gcaaaatttt gaaagttatc1080
    aggaagaatt tgggtcaaaaa atgcttagaa ctctttactg aactggcgga agataaagag1140
    35  aactacaaga aattctatga gcagttctct aaaaacataa agcttggaa acacgaagac1200
    tctcaaaatc ggaagaagct ttcagagctg ttaaggtagt acacatctgc ctctggtgat1260
    gagatggttt ctctcaagga ctactgcacc agaatgaagg agaaccagaa acatatctat1320
    tatatcacag gtgagaccaa ggaccaggta gctaactcag cttttgtgga acgtcttcgg1380
    aaacatggct tagaagtgat ctatatgatt gagcccattg atgagtactg tgtccaacag1440
    40  ctgaaggaa ttgaggggaa gacttttagt tcagtcacca aagaaggcct ggaacttcca1500
    gaggatgaag aagagaaaaa gaagcaggaa gagaaaaaaa caaagtttga gaacctctgc1560
    aaaaatcatga aagacatatt ggagaaaaaa gttgaaaagg tggttgtgtc aaaccgattg1620
    gtgacatctc catgctgtat tgtcacaagc acatatggct ggacagcaaa catggagaga1680
    atcatgaaag ctcaagccct aagagacaac tcaacaatgg gttacatggc agcaagaaaa1740
    45  cacctggaga taaaccctga ccattccatt attgagacct taaggcaaaa ggagaggct1800
    gataagaacg acaagtctgt gaaggatctg gtcatcttgc tttatgaaac tgcgtcctcg1860
    tcttctggct tcagtctgga agatccccag acacatgcta acaggatcta caggatgatc1920
    aaacttggtc tgggtattga tgaagatgac cctactgctg atgataccag tgctgctgtal1980
    actgaagaaa tgccaccct tgaaggagat gacgacacat cacgcatgga agaagtagac2040
    50  taatctctgg ctgaggggat acttacctgt tcagtactct acaattcctc tgataatata2100
    ttttcaagga tgtttttctt tatttttgtt aatattaaaa agtctgtatg gcatgacaac2160
    tactttaagg ggaagataag atttctgtct actaagtgat gctgtgatac cttaggcact2220
    aaagcagagc tagtaatgct ttttgagttt catgtttggg tattttcaca gattggggta2280
    55  acgtgcactg taagacgtat gtaacatgat gtttaacttt tgtggtctaa agtgtttagc2340
    tgtcaagccg gatgcctaag tagaccaaat ctgttatttg aagtgttctg agctgtatct2400
    tgatgtttag aaaagtattc gttacatctt gtaggatcta ctttttgaac ttttcattcc2460
    ctgtagttga caattctgca tgtactagtc ctctagaaat aggttaaaact gaagcaactt2520
    gatggaagga tctctccaca gggcttgttt tccaaagaaa agtattgttt ggaggagcaa2580
    60  agttaaaagc ctacctaagc atatcgtaaa gctgttcaaa aataactcag acccagctct2640
    gtggatggaa atgtagtgtc cgagtcacat totgtctaaa gttgtaacaa atacagatga2700
    gttaaaagat attgtgtgac agtgtcttat ttagggggaa aggggagtat ctggatgaca2760
    gttagtgccaa aaatgtaaaa catgaggcgc tagcaggaga tggttaaaca ctagctgtct2820
    caagggttga catggtcttc ccagcatgta ctcagcaggt gtggggtgga gcacatgtag2880
    65  gcacagaaaa caggaatgca gacaacatgc atcccctgcg tccatgagtt acatgtgttc2940
    tcttagtgtc cacgttgttt tgatgttatt catggaatac cttctgtgct aaatacagtc3000
    acttaattcc ttggccaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 3045
  
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2815 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83:

cagtggcggc	gcaaccagcc	ttctagggcg	gaggaggagt	ggagtcaaca	tatcaatgga	60
gcaagtcaca	gtcgctcgatg	ccagcttctt	cttgaaatct	accagaatg	gaatcctgac	120
aatgatacag	gacacacaat	gggtgatcca	ttcatgttgc	agcagtctac	aaatccagca	180
ccaggaattc	tgggaacctc	acctccctca	tttcatcttg	ggggaccagc	agttggacca	240
agaggaaatc	tgggtgctgg	aaatggaaac	ctgcaaggac	ctagacacat	gcagaaaggc	300
agagtggaaa	ctagcagagt	tggtcacatc	atggattttc	aacgagggaa	aaacttgaga	360
taccagctat	tacagctggt	agaaccattt	ggagtcattt	caaatcatct	gattctaaat	420
aaaattaatg	aggcatttat	tgaaatggca	accacagagg	atgctcaggc	cgcagtggat	480
tattacacaa	ccacaccagc	gttagtattt	ggcaagccag	tgagagttca	tttatcccag	540
aagtataaaa	gaataaagaa	acctgaagga	aagccagatc	agaagtttga	tcaaaagcaa	600
gagcttggac	gtgtgatata	tctcagcaat	ttgcgcatt	ctggctattc	tgatagtgtc	660
gttctcaagc	ttgtcgagcc	ttatgggaaa	ataaagaatt	acatattgat	gaggatgaaa	720
agtcaggctt	ttattgagat	ggagacaaga	gaagatgcaa	tggaatgggt	tgaccattgt	780
ttgaaaaaag	ccctttggtt	tcaggggaga	tgtgtgaagg	ttgacctgtc	tgagaaatat	840
aaaaaactgg	ttctgaggat	tccaaacaga	ggcattgatt	tactgaaaaa	agataaatcc	900
cgaaaaagat	cttactctcc	agatggcaaa	gaatctccaa	gtgataagaa	atccaaaact	960
gatggttccc	agaagactga	gagttcaacc	gaagtaaaga	acaagaagag	aagtcgggtg	1020
aagatggtga	gaaagacaca	aaggatgacc	agacagagca	ggaacctaat	atgcttcttg	1080
aatctgaaga	tgagctactt	gtagatgaag	aagaagcagc	agcactgcta	gaaagtggca	1140
gttcagtggg	agacgagacc	gatcttgcta	atcttaggtga	tgtggcttct	gatgggaaaa	1200
aggaaccatc	agataaagct	gtgaaaaaag	atggaagtgc	ttcagcagca	gcaaagaaaa	1260
agcttaaaaa	ggtggacaag	atcgaggaac	ttgatcaaga	aaacgaagca	gcgttgaaaa	1320
atggaattaa	aaatgaggaa	aacacagaac	caggtgctga	atcttctgag	aacgctgatg	1380
atcccaacaa	agatacaagt	gaaaaacgag	atggtcaaaag	tgatgagaac	aaggacgact	1440
atacaatccc	agatgagtat	agaattggac	catatcagcc	caatgttcct	gttggatatag	1500
actatgtgat	acctaaaaca	gggttttact	gtaagctgtg	ttcactcttt	tatacaaatg	1560
aagaagttgc	aaagaatact	cattgcagca	gccttcccca	ttatcagaaa	ttaaagaaat	1620
ttctgaataa	attggcagaa	gaacgcagac	agaagaagga	aacttaagat	gtgcaaggag	1680
atttaaatgat	ttcaaagaaa	ataatggttc	tttgttttta	atgttaacct	tttttaataa	1740
caatactgat	agttagaaga	aaactattgt	actcttttgt	tttagtggag	aaataataga	1800
tgtctgttca	tgtgttaagt	gttatagcaa	aaaaaataca	catatggtta	agttaatgaa	1860

```

tagtTTTTgt tttatcagaa tggcaacaga cagaagtact ttgtagagat tgacttccta1920
agctacttaa gacaacttgc accactaaga aaaaaatgta gaaccatttg gaaaaatgaa1980
athtagtagt tccaagtttc aaagaaatgt caacatttta ttccattcaa taaagaacaa2040
5 aaccaatagt gtttttatta ctttcactctg aaacattcca tggtttaatc tgagccttgc2100
agactttcat ttggagtttg aaccogtttt gggtgcattt cttttttgga gaacttaatt2160
aacgtgagat tggcaattga aatgcagggtg cagttttctg ttaatgtcat gotgttgttt2220
aggtataaag aaatattaag taattggctt tagattttgt aatttttttc cctgagttcc2280
10 tgctagattt cgtattctag tagtcaatgt attttcagtg aaatgcaaaa atattcccat2340
tatctttgac cagtattaat ttttgagatc ttactgcttg tcaactgaat cccgtgattg2400
tcatacatct ctggtataag caacatttga tttttgaagt gtgtagacca tctcttcata2460
ttttcaagat gtaattttac atttctgcat ttttaaaaca gtttggccat aatcctagat2520
gcacgcttct aattcatgta cctgcacatg tgacctttgt gaacagaaat ttgcatgtat2580
15 aatttgtgtt tacttgaac tttctggtta tatactgctt atatctgttg attcaagtta2640
ctgaagtga taccataaaa aagaaaacc taggcatgt taattggtta tacatgtttg2700
gaatgttaac caaaaaaaaa aacagtttg gtttttattc gctcttaaac tttgtgcatg2760
ctttaacaat ttatcgcttt taaatctaga gtgaattcct aaagagctgc cgcta 2815

```

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3462 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84:

```

ctggatcgta caagaaggga gacaaggacc actgacaaga taaggcctag caggaaacga 60
55 agcggctctt tccgctatct gccgcttgtc caccggaagc gagttgcgac acggcagggt 120
cccgcccgga agaagcgacc aaagcgcttg aggaccgga acatggtgag gtcggggaat 180
aaggcagctg ttgtgctgtg tatggacgtg ggctttacca tgagtaactc cattcctggg 240
atagaatccc catttgaaca agcaaagaag gtgataacca tgtttgtaca gcgacagggt 300
tttgctgaga acaaggatga gattgcttta gtcctgtttg gtacagatgg cactgacaat 360
60 cccctttctg gtggggatca gtatcagaac atcacagtgc acagacatct gatgctacca 420
gattttgatt tgctggagga cattgaaagc aaaatccaac caggttctca acaggctgac 480
ttcctggatg cactaatgt gagcatggat gtgattcaac atgaaacaat aggaaagaag 540
tttgagaaga ggcatattga aatattcact gacctcagca gccgattcag caaaagtcag 600
ctggatatta taattcatag cttgaagaaa tgtgacatct ccctgcaatt cttcttgct 660
65 ttctcacttg gcaaggaaga tggaagtggg gacagaggag atggccctt tcgcttaggt 720
ggccatgggc cttcctttcc actaaaagga attaccgaac agcaaaaaga aggtcttgag 780
atagtgaaaa tgggtgatgat atcttttagaa ggtgaagatg gggttgatga aatttattca 840

```

ttcagtgaga	gtctgagaaa	actgtgcgctc	ttcaagaaaa	ttgagaggca	ttccattcac	900
tggccctgcc	gactgaccat	tggctccaat	ttgtctataa	ggattgcagc	ctataaatcg	960
attctacagg	agagagttaa	aaagacttgg	acagttgtgg	atgcaaaaac	cctaaaaaaa	1020
gaagatatat	aaaaagaaac	agtttattgc	ttaaattgatg	atgatgaaac	tgaagtttta	1080
aaagaggata	ttattcaagg	gttccgctat	ggaagtgata	tagttccttt	ctctaaagtg	1140
gatgaggaac	aaatgaaata	taaatcggag	gggaagtgtc	tctctgtttt	gggattttgt	1200
aaatcttctc	aggttcagag	aagattcttc	atgggaaatc	aagttctaaa	ggcttttgca	1260
gcaagagatg	atgaggcagc	tgcagttgca	ctttctcccc	tgattcatgc	tttggtatgac	1320
ttagacatgg	tggccatagt	tcgatatgct	tatgacaaaa	gagctaatac	tcaagtcggc	1380
gtggcttttc	ctcatatcaa	gcataactat	gagtgtttag	tgtatgtgca	gctgcctttc	1440
atggaagact	tgcggcaata	catgttttca	tccttgaaaa	acagtaagaa	atatgtctccc	1500
accgaggcac	agttgaatgc	tgttgatgct	ttgattgact	ccatgagctt	ggcaaagaaa	1560
gatgagaaga	cagacaccct	tgaagacttg	tttccaacca	ccaaaatccc	aaatcctcga	1620
tttcagagat	tatttcagtg	tctgctgcac	agagctttac	atccccggga	gcctctaccc	1680
ccaattcagc	agcatatttg	gaatatgctg	aatcctcccc	ctgaggtgac	aacgaaaagt	1740
cagattcctc	tctctaaaaa	aaagaccctt	tttccctctga	ttgaagccaa	gaaaaaggat	1800
caagtgactg	ctcaggaat	tttccaagac	aacctatgaag	atggacctac	agctaaaaaa	1860
ttaaagactg	agcaaggggg	agcccacttc	agcgtctcca	gtctggctga	aggcagtgct	1920
acctctgttg	gaagtgtgaa	tcctgctgaa	aacttccgtg	ttctagttaa	acagaagaag	1980
gccagctttg	aggaagcgag	taaccagctc	ataaatcaca	tcgaacagtt	tttgataact	2040
aatgaaacac	cgtattttat	gaagagcata	gactgcatcc	gagccttccg	ggaagaagcc	2100
attaagtttt	cagaagagca	gcgctttaac	aacttcctga	aagcccttca	agagaaagtg	2160
gaaattaaac	aattaaatca	tttctgggaa	attgttgtcc	aggatggaat	tactctgato	2220
accaaagagg	aagcctctg	aagttctgtc	acagctgagg	aagccaaaaa	gtttctggcc	2280
cccaaagaca	aaccaagtgg	agacacagca	gctgtatttg	aagaaggtgg	tgatgtggac	2340
gattttattgg	acatgatata	ggcgtgggat	gtatggggaa	tctaagagag	ctgccatcgc	2400
tgtgatgctg	ggagttctaa	caaaacaagt	tggatgcggc	cattcaagg	gagccaaaat	2460
ctcaagaaat	tcccagcagg	ttacctggag	gcggatcatc	taattctctg	tggaatgaat	2520
acacacatat	atattacaag	ggataattta	gaccccatat	aagtttataa	agagtcattg	2580
ttattttctg	gttgggtgtat	tattttttct	gtggtcttac	tgatctttgt	atattacata	2640
catgctttga	agtttctgga	aagtagatct	tttcttgacc	tagtatatca	gtgacagttg	2700
cagcccttgt	gatgtgatta	gtgtctcatg	tggaaccatg	gcatggttat	tgatgagttt	2760
cttaaccctt	tccagagtcc	tcctttgcct	gatcctccaa	cagctgtcac	aacttgtgtt	2820
gagcaagcag	tagcatttgc	ttcctcccaa	caagcagctg	ggttaggaaa	accatgggta	2880
aggacggact	cacttctctt	tttagttgag	gccttctagt	taccacatta	ctctgcctct	2940
gtatataggt	ggttttcttt	aagtgggggtg	ggaaggggag	cacaatttcc	cttcatactc	3000
cttttaagca	gtgagttatg	gtgggtggtct	catgaagaaa	agaccttttg	gcccattctc	3060
tgccatatca	gtgaaccttt	agaaactcaa	aaactgagaa	atttactaca	gtagttagaa	3120
ttatatcact	tcactgttct	ctacttgcaa	gcctcaaaga	gagaaagttt	cgttatatta	3180
aaacacttag	gtaacttttc	ggtctttccc	atttctacct	aagtcagctt	tcattcttgt	3240
ggatgggtgtc	tcctttacta	aataagaaaa	taacaaagcc	cttattctct	tttttcttg	3300
tcctcattct	tgccttgagt	tccagttcct	ctttggtgta	cagacttctt	ggtacccagt	3360
cacctctgtc	ttcagcacc	tcataagtcg	tcactaatac	acagttttgt	acatgtaaca	3420
ttaaaggcat	aaatgactca	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aa		3462

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 668 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85:

```

atagggccgg tgctgcctgc ggaagccggc ggctgagagg cagogaactc atctttgcc 60
gtacaggagc tcgtgccgtg gccacagcc cacagcccac agccatgggc tgggacctga 120
cggatgaagat gctggcgggc aacgaattcc aggtgtccct gagcagctcc atgtcgggtgt 180
cagagctgaa ggcgcagatc acccagaaga tcggcgtgca cgcttccag cagcgtctgg 240
ctgtccaccc gagcgggtgt gcgctgcagg acaggggtccc ccttgccagc cagggcctgg 300
gccccggcag cacggtcctg ctgggtgggtg acaaattgcga cgaaacctgt agcatcctgg 360
tgaggataaa caagggccgc agcagcacct acgaggtgcg gctgacgcag accgtggccc 420
acctgaagca gcaagtgagc gggctggagg gtgtgcagga cgacctgttc tggctgacct 480
tcgaggggaa gccctggag gaccagctcc cgctggggga gtacggcctc aagcccctga 540
gcaccgtgtt catgaatctg cgcctgcggg gaggcggcac agagcctggc gggcggagct 600
aagggcctcc accagcatcc gagcaggatc aagggccgga aataaaggct gttgtaaaga 660
gaaaaaaa

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 671 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86:

```

ggaaaccggg ctcatatgaac tcgctgcag ctcttgggtt ttttgtggct tccttcgtta 60
ttggagccag gcctacaccc cagcaacccat gtccaaggga cctgcagttg gtattgatct 120
tggcaccacc tactcttgtg tgggtgtttt ccagcacgga aaagtcgaga taattgcca 180
tgatcaggga aaccgaacca ctccaagcta tgtgccttt acggacactg aacggttgat 240
cggatgatgc gcaaagaatc aagttgcaat gaacccacc aacacagttt ttgatgcca 300
acgtctgatt ggacgcagat ttgatgatgc tgttgtccag tctgatatga aacattggcc 360

```



```

ctttatggtg gtgaatgatg ctggcaggcc caaggtccaa gtagaataca agggagagac420
caaaagcttc tatccagagg aggtgtcttc tatggttctg acaaagatga aggaaattgc480
agaagcctac cttgggaaga ctgttaccaa tgcttggtgt cacagtgcc gcttacttta540
atgactctca gcgtcaggct accaaaagat gctggagact attgatggc tgcaatgtac600
tttaggaatt atttaattga gccaaacttg tgcttggtta tttctttacg ggtttgggca660
aaaaaagggt t                                     671

```

5

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1121 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87:

40

```

gggggatagc ctcggtgtca gccatctttc aattgtgttc gcagccgcgc cgcgcgcccc 60
gtcgctctcc aacgccagcg ccgcctctcg ctgcgcgagc tccagccgaa ggagaagggg 120
ggtaagtaag gaggtctctg taccatggct cgtacaaagc agactgccc caaatcgacc 180
ggtggtaaag caccaggaa gcaactggct acaaaagccg ctgcgaagag tgcgccctct 240
actggagggg tgaagaaacc tcatcggttac aggcctggta ctgtggcgct ccgtgaaatt 300
agacgttatc agaagtccac tgaacttctg attcgcaaac ttcccttcca gcgtctgggtg 360
cgagaaattg ctcaggactt taaaacagat ctgcgcttcc agagcgagc atcgggtgctt 420
tgcaggaggc aagtgaggcc tatctggttg gcctttttga agacaccaac ctgtgtgcta 480
tccatgcca aacgtgtaaca attatgcca aagacatcca gctagcacgc cgcatacgtg 540
gagaacgtgc ttaagaatcc actatgatg gaaacatttc attctcaaaa aaaaaaaaaa 600
aaaatttctc ttcttctgtg tattggtagt tctgaacgtt agatatTTTT tttccatggg 660
gtcaaaagggt acctaatgat atgattgcga gtggaaaaat aggggacaga aatcagggtat 720
tggcagtttt tccattttca tttgtgtgtg aatttttaaat ataaatgcgg agacgtaaag 780
cattaatgca agttaaaatg tttcagtgaa caagtttcag cggttcaact ttataataat 840
tataaataaa cctgttaaat ttttctggac aatgccagca tttggatttt tttaaaacaa 900
gtaaatttct tattgatggc aactaaatgg tgtttgtagc attttttatca tacagtagat 960
tccatccatt caotataact ttctaactga gttgtcctac atgcaagtac atgttttttaa1020
tgttgtctgt cttctgtgtg gttcctgtaa gtttgctatt aaaatacatt aaactataaa1080
aaaaaagaag aagaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a                                     1121

```

60

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

65

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1108 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88:

```

agtggaggag ggagagacgc tggcccgcca cccgaggggc gtgggcatcg ggaggcgggc 60
ccgggttagg ggcgggaccg ccgcctgggt aaaggcgctt atttcccagg cagccgctgc 120
agtcgccaca cctttgcccc tgctgcgatg accctgtcgc cacttctgct tcggacgtcc 180
ccacggcggc ggtgcaggcg tcccctctgc aagcgtaga cttctttggg aatgggccac 240
cagttaacta caagacaggc aatctatacc tgogggggcc cctgaagaag tccaatgcac 300
cgcttgtaaa tgtgaccctc tactatgaag cactgtgcgg tggctgccga gccttctga 360
tccgggagct cttcccaaca tggctgttgg tcatggagat cctcaatgtc acgctgggtc 420
cctacggaaa cgcacaggaa caaaatgtca gtggcagggt ggagttcaag tgccagcatg 480
gagaagagga gtgcaaattc aacaagggtg aggcctgcgt gttggatgaa cttgacatgg 540
agctagcctt cctgaccatt gtctgcatgg aagagtttga ggacatggag agaagtctgc 600
cactatgcct gcagctctac gcccagggc tgctgccaga cactatcatg gactgtgcaa 660
tgggggaccg cggcatgcag ctcatgcacg ccaacgcccc ggggacagat gctctccagc 720
caccgcacga gtatgtgccc tgggtcaccg tcaatgggaa acccttgga gatcagacc 780
agctccttac ccttgtctgc cagttgtacc agggcaagaa gccggatgtc tgcccttctc 840
caaccagctc cctcaggagt gtttgcttca agtgatggcc ggtgagctgc ggagagctca 900
tggaaggcga gtgggaaccc ggctgcctgc ctttttttct gatccagacc ctccgcacct 960
gctacttacc aactggaaaa ttttatgcat cccatgaagc ccagatacac aaaattccac1020
cccatgatca agaactctgc tccactaaga atggtgctaa agtaaaaacta gtttaataag1080
cccaaaaaaa aaaaccgcgt cggtcgac 1108

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 720 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89:

```

aaagcagccg cgggcgcccg gtgcctcaca gcacgctgcc acgcccagcg agacccctct 60
ctgcacgcca gcccgcccgc acccaccatg gccacagtgc agcagctgga aggaagatgg120
cgccctggtg acagcaaagg ctttgatgaa tacatgaagg agctaggagt gggaatagct180
ttgcgaaaaa tgggcgcaat ggccaagcca gattgtatca tcacttgtga tggtaaaaac240
ctcaccataa aaactgagag cactttgaaa acaacacagt tttcttgtac cctgggagag300
aagtttgaag aaaccacagc tgatggcaga aaaactcaga ctgtctgcaa ctttacagat360
ggtgcattgg ttcagcatca ggagtgggat gggaaggaaa gcacaataac aagaaaattg420
aaagatggga aattagtggg ggagtgtgtc atgaacaatg tcacctgtac tcggatctat480
gaaaaagtag aataaaaatt ccatcatcac ttgggacagg agttaattaa gagaatgacc540
aagctcagtt caatgagcaa atctccatac tgtttctttc tttttttttt cattactgtg600
ttcaattatc tttatcataa acattttaca tgcagctatt tcaaagtgtg ttggattaat660
taggatcatc cctttggtta ataaataaat gtgtttgtgc taaaaaaaaa aaaaaaaaaa720

```

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 837 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90:

```

ctctcgcgag gattggctgt tagcggcggtt gtagttaagc tcgtgtaacg gcggcggtgt 60
cggcagctgc tgtagcgaag agagtttggc gcatgtctc acaccatitt gctggtacag120
cctaccaaga ggccagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcatg180
gaaggtgttt gtaaaatgta tgaagaacat ctgaaaagaa tgaatcccaa cagtcctct240
atcacatatg acatcagtcg gttgtttgat ttcacatgat atctggcaga cctcagctgc300
ctggtttacc gagctgatac ccagacatac cagccttata acaaagactg gattaaagag360
aagatctacg tgctccttcg tcggcaggcc caacaggctg ggaaataatt gtgttggaag420

```

65

```

cactgggggg gttgggggtg gcttgggaaca caggtgctga cagcgtgctg tagtggaagt480
tttgtatcat agtaatcctg tttccacttt gttatactct agccaagatt gactgtatta540
gatgaaatgt gaggatcctg ttcaatcgga aacccccgtt acctcctctt tttctttctc600
5 tttctttttt tttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaag ttgttcttcg660
tcacttaatg ttggttccag tccttcaact gttcatactt actttataac attcacatac720
taacccttct tcaagatggg gtgggggggtg gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata780
aagtcttggt aaaaataaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 837

```

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 498 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91:

```

gtagggtcag cgtcggaggc ggtagtgaac gtggcgtttc cttgaggaag agtgaggggtt 60
45 ccaacttttc tgcttatctg ggaggtgttg ggcgcggaca gtcgagatgt cagagaaaaa120
gcagccggta gacttaggtc tgtagagga agacgacgag tttgaagagt tccctgccga180
agactgggct ggcttagatg aagatgaaga tgcacatgtc tgggaggata attgggatga240
tgacaatgta gaggatgact tctctaata gttacgagct gaactagaga aacatggtta300
50 taagatggag acttcatagc atccagaaga agtggtgaag taacctaaac ttgacctgct360
taatacattc tagggcagag aaccaggat gggacactaa aaaaatgtgt ttatttcatt420
atctgcttgg atttatttgt gtttttgtaa cacaaaaaat aaatgttttg atataaaaag480
gaaagagaaa aattgcgg 498

```

55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1077 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92:

```

cggctcgagc tgggtacaaca gggcacacgt gtttcacggtt gacagggtttg cttggggacgc 60
tagtaaccat gggcttgctg acttagccaa agaagagtta agaagaaaat acacacaagt 120
atacagactg ttcttagttt cttagactta tctgcatatt ggataaaata aatgcaattg 180
tgctcttcat ttaggatgct ttcatgtgtt ttaagatgtg ttaggaatgt caacagagca 240
aggagaaaaa aggcagtcct ggaatcacat tcttagcaca cctacacctc ttgaaaatag 300
aacaacttgc agaattgaga gtgattcctt tcctaaaagt gtaagaaagc atagagattt 360
gttcgtattt agaatgggat cacgaggaaa agagaaggaa agtgattttt ttccacaaga 420
tctgtaatgt tatttccact tataaaggaa ataaaaaatg aaaaacatta tttggatatt 480
aaaagcaaat aaaaacccaa ttcagtctct tctaagcaaa attgctaaag agagatgaac 540
cacattataa agtaatcttt ggctgtaagg cattttcatc tttccttcgg gttggcaaaa 600
tatttttaaag gtaaaacatg ctggtgaacc aggggtgttg atggtgataa gggaggaata 660
tagaatgaaa gactgaatct tcctttgttg cacaaataga gtttggaata agcctgtgaa 720
aggtgtcttc tttgacttaa tgtctttaa agtatccaga gatactacaa tattaacata 780
agaaaagatt atatatatt tctgaatcga gatgtccata gtcaaatttg taaatcttat 840
tcttttgtaa tatttattta tatttattta tgacagtga cattctgatt ttacatgtaa 900
aacaagaaaa gttgaagaag atatgtgaag aaaaatgtat ttttcctaaa tagaaataaa 960
tgatcccatt ttttggtaaa aaaaagtatg tgagatttat tcgtaaacgt gactacttta 1020
tttctaaata agagattccc tacctgcgtc ctacaagcag ttcagaatgc catgcct 1077

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1755 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93:

5

cgcagggctg cttgtgatct ggtacgagga ttatgcaagt tttttgaggg acctgtgaca 60
 ggaatcttct ctggttatgt taattccatg ctgcaggaat acgcaaaaaa tccatctgtc 120
 10 aactggaaac acaaagatgc agccatctac ctagtgacat ctttggcatc aaaagcccaa 180
 acacagaagc atggaattac acaagcaaat gaacttgtaa acctaactga gttctttgtg 240
 aatcacatcc tccctgattt aaaatcagct aatgtgaatg aatttcctgt ccttaaagct 300
 gacggtatca aatatattat gatttttaga aatcaagtgc caaaagaaca tcttttagtc 360
 tcgattcctc tcttgattaa tcatcttcaa gctgaaagta ttgttggtca tacttacgca 420
 15 gctcatgctc ttgaacggct ctttactatg cgagggccta acaatgccac tctctttaca 480
 gctgcagaaa tcgcaccgtt tgttgagatt ctgctaaca accttttcaa agctctcaca 540
 cttcctggct cttcagaaaa tgaatatatt atgaaagcta tcatgagaag ttttctctc 600
 ctacaagaag ccaataatccc ctacatccct actctcatca ctcagcttac acagaagcta 660
 ttagctgtta gtaagaaccc aagcaaacct cactttaatc actacatggt tgaagcaata 720
 20 tgtttatcca taagaataac ttgcaaagct aacctgctg ctggttgtaa ttttgaggag 780
 gctttgtttt tgggtgtttac tgaatctta caaatgatg tgcaagaatt tattccatac 840
 gtctttcaag tgatgtcttt gcttctggaa acacacaaaa atgacatccc gtcttctcat 900
 atggccttat ttcctcatct ccttcagcca gtgctttggg aaagaacagg aatatctcct 960
 25 gctctagtga ggcttcttca agcattctta gaacgcgggt caaacacaat agcaagtgct 1020
 gcagctgaca aaattcctgg gttactaggt gtctttcaga agctgattgc atccaaagca 1080
 aatgaccacc aagggttttta tcttctaaac agtataatag agcacatgcc tcctgaatca 1140
 gttgaccaat ataggaaaca aatcttcatt ctgctattcc agagacttca gaattccaaal 1200
 30 acaaccaagt ttatcaagag ttttttagtc tttattaatt tgtattgcat aaaatatggg 1260
 gcaactagcac tacaagaaat atttgatggt atacaaccaa aaatgttttg aatggttttg 1320
 gaaaaaatta ttattcctga aattcagaag gtatctggaa atgtagagaa aaagatctgt 1380
 gcggttggca taaccaaatt actaacagaa tgtcccccac tgatggacac tgagtatacc 1440
 aaactgtgga ctccattatt acagtctttg attggtcttt ttgagttacc cgaagatgat 1500
 35 accattcctg atgaggaaca ttttattgac atagaagata caaccaggata tcagactgcc 1560
 ttctcacagt tggcatttgc tgggaaaaaa gagcatgatc ctgtaggtca aatgggtgaat 1620
 aaccccaaaa ttcacctggc acagtcactt cacaagttgt ctaccgcctg tccaggaagg 1680
 gttccatcaa tggcaaagaa ctctgtgata aatggagact ttaatgggag ggcaaaagga 1740
 tagtagtagt tctggg 1755

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

- (A) LÄNGE: 1545 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94:

```

gttcggcgag cgagcacctt cgacgcggtc cggggaaccc tcgtcgctgt cctcccgacg 60
cggacccggt gccccaggct cgcgctgccc ggcagggtgc tcgtgtccca ctccggcgcg 120
acgcctcccg cgagtcccg gcccctcccg cgccctcttt ctcggcgcgc gcgcagatgg 180
gcgccccgcg aggtcctcgc gttcgggctt ctgcttgccg cggcgacggc gacttttgcc 240
gcagctcagg aagaatgtgt ctgtgaaaac tacaagctgg ccgtaaaactg ctttgtgaat 300
aataatcgtc aatgccagtg tacttcagtt ggtgcacaaa atactgtcat ttgctcaaag 360
ctggctgcc aatgtttggt gatgaaggca gaaatgaatg gctcaaaact tgggagaaga 420
gcaaaacctg aaggggccct ccagaacaat gatgggcttt atgatcctga ctgcgatgag 480
agcgggctct ttaaggccaa gcagtgcac ggcacctcca tgtgctggtg tgtgaacact 540
gctgggttca gaagaacaga caaggacact gaaataacct gctctgagcg agtgagaacc 600
tactggatca tcattgaact aaaacacaaa gcaagagaaa aaccttatga tagtaaaagt 660
ttgcggactg cacttcagaa ggagatcaca acgcgttatc aactggatcc aaaatttatc 720
acgagtattt tgtatgagaa taatgttatc actattgatc tgggtcaaaa ttcttctcaa 780
aaaactcaga atgatgtgga catagctgat gtggcttatt attttgaaaa agatgttaaa 840
ggtgaatcct tgtttcattc taagaaaatg gacctgacag taaatgggga acaactggat 900
ctggatcctg gtcaaaactt aattttattat gttgatgaaa aagcaacctg attctcaatg 960
caggggtctaa aagctggtgt tattgctgtt attgtggttg tgggtgatagc agttgttgct 1020
ggaattgttg tgctggttat ttccagaaag aagagaatgg caaagtatga gaaggctgag 1080
ataaaggaga tgggtgagat gcatagggaa ctcaatgcat aactatataa tttgaagatt 1140
atagaagaag ggaaatagca aatggacaca aattacaaat gtgtgtgctg gggacgaaga 1200
catctttgaa ggtcatgagt ttgttagttt aacatcatat atttgtaata gtgaaacctg 1260
tactcaaaat ataagcagct tgaaactggc tttaccaatc ttgaaatttg accacaagt 1320
tcttatatat gcagatctaa tgtaaaatcc agaacttggc ctccatcggt aaaattat 1380
atgtgtaaca ttcaaatgtg tgcattaaat atgcttcac agtaaaatct gaaaaactga 1440
tttgtgattg aaagctgcct ttctatttac ttgagcttg tacatacata cttttttatg 1500
agctatgaaa taaaacattt taaactgaaa aaaaaaaaaa aaggc 1545

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1133 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95:

```

g c g c g g t a t t   a t c g g g t a g a   c a t c t c g c a c   c g c g t c t c g g   a a a c c g g t a g   c g c t t g c a g c   60
a t g g c t g a c c   a a c t g a c t g a   a g a g c a g a t t   g c a g a a t t c a   a a g a a g c t t t   t t c a c t a t t t   120
g a c a a a g a t g   g t g a t g g a a c   t a t a c a a c a   a a g g a a t t g g   g a a c t g t a a t   g a g a t c t c t t   180
5   g g g c a g a a t c   c c a c a g a a g c   a g a g t t a c a g   g a c a t g a t t a   a t g a a g t a g a   t g c t g a t g g t   240
a a t g g c a c a a   t t g a a c t t c c   c t g a a t t t c t   g g a c a a g g a t   g g c a a g a a a a   a t g a a a g a c a   300
c a g a c a g t g a   a g a a g a a a t g   a g a g a a g c a t   t c c g t g t g t t   t g a t a a g g a t   g g c a a g g g c t   360
a t a t g a g t g c   t g c a g a a c t t   c g c c a t g t g a   t g a c a a a c c t   t g g a g a g a a g   t t a a c a g a t g   420
a a g a a g t t g a   t g a a a t g a t c   a g g g a a g c a g   a t a t t g a t g g   t g a t g g t c a a   g t a a a c t a t g   480
10  a a g a g t t t g t   a c a a a t g a t g   a c a g c a a a g t   g a a g a c c t t g   t a c a g a a t g t   g t t a a a t t t c   540
t t g t a c a a a a   t t g t t t a t t t   g c c t t t t c t t   t g t t t g t a a c   t t a t c t g t a a   a a g g t t t c t c   600
c c t a c t g t c a   a a a a a t a t g   c a t g t a t a g t   a a t t a g g a c t   t c a t t c c t c c   a t g t t t t c t t   660
c c c t t a t c t t   a c t g t c a t t g   t c c t a a a a c c   t t a t t t t a g a   a a a g t t g a t c   a a g g t a a c a t   720
15  g t t g c a t g t g   g c t t a c t c t g   g g g a a a t a t c   t a a g c c c t t c   t g c a c a t c t a   a a c t t a g a t g   780
g a g t t g g t c a   a a t g a g g g a a   c a t c t g g g t t   a t g c c t t t t t   t a a a g t a g t t   t t c t t t a g g a   840
a c t g t c a g c a   t g t t g t t g t t   g a a g t g t g g a   g t t g t a a c t c   t g c g t g g a c t   a t g g a c a g t c   900
a a c a a t a t g t   a c t t a a a a g t   t g c a c t a t t g   c a a a a c g g g t   g t a t t a t c c a   g g t a c t c g t a   960
c a c t a t t t t t   t t g t a c t g c t   g g t c c t g t a c   c a g a a a c a t t   t t c t t t t a t t   g t t a c t t g c t   1020
20  t t t t a a a c t t   g g t t t a g c c a   c t t a a a a t c t   g c t t a t g g c a   c a a t t t g c c c   c a a a a t c c a t   1080
t c c a a g t t g t   a t a t t t g t t t   t c c a a t a a a a   a a a t t a c a a t   t t a c c c a a a a   a a a   1133

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 791 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96:

```

g c c g c c c g c g   c g g a c c c g g c   g a g a g g c g g c   g g c g g g a g c g   g c g g t g a t g g   a c g g g t c c g g   60
g g a g c a g c c c   a g a g g c g g g g   g g c c c a c c a g   c t c t g a g c a g   a t c a t g a a g a   c a g g g g c c c t   120
t t t g c t t c a g   g g t t t c a t c c   a g g a t c g a g c   a g g g c g a a t g   g g g g g g a g g   c a c c c g a g c t   180
g g c c c t g g a c   c c g g t g c c t c   a g g a t g c g t c   c a c c a a g a a g   c t g a g c g a g t   g t c t c a a g c g   240
c a t c g g g g a c   g a a c t g g a c a   g t a a c a t g g a   g c t g c a g a g g   a t g a t t g c c g   c c g t g g a c a c   300
a g a c t c c c c c   c g a g a g g t c t   t t t c c g a g t   g g c a g c t g a c   a t g t t t t c t g   a c g g c a a c t t   360
c a a c t g g g g c   c g g g t t g t c g   c c c t t t t c t a   c t t t g c c a g c   a a a c t g g t g c   t c a a g g c c c t   420
g t g c a c c a a g   g t g c c g g a a c   t g a t c a g a a c   c a t c a t g g g c   t g g a c a t t g g   a c t t c c t c c g   480
g g a g c g g c t g   t t g g g c t g g a   t c c a a g a c c a   g g g t g g t t g g   g a c g g c c t c c   t c t c t a c t t   540
t g g g a c g c c c   a c g t g g c a g a   c c g t g a c c a t   c t t t g t g g c g   g g a g t g c t c a   c c g c c t a c t   600
65  c a c c a t c t g g   a a g a a g a t g g   g c t g a g g c c c   c c a g c t g c c t   t g g a c t g t g t   t t t t c c t c c a   660
t a a a t t a t g g   c a t t t t t c t g   g g a g g g g t g g   g g a t t g g g g g   a c a t g g g c a t   t t t t c t t a c t   720
t t t g t a a t t a   t t g g g g g g t g   t g g g a a g a g   t g g t c t t g a g   g g g g t a a t a a   a c c t c c t t c g   780
g g a c a c a a a a   a

```


2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 599 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97:

```

tctgccttc accatgaagt ccagcggcct cttccccttc ctggtgctgc ttgccctggg 60
aactctggca ccttgggctg tggaaggctc tggaaagtcc ttcaaagctg gagtctgtcc120
tcctaagaaa tctgccagat gccttagata caagaaacct gagtgccaga gtgactggca180
gtgtccaggg aagaagagat gttgtcctga cacttgtggc atcaaagctc tggatcctgt240
tgacacccca aacccaacaa ggaggaagcc tgggaagtgc ccagtgactt atggccaatg300
tttgatgctt aaccccccca atttctgtga gatggatggc cagtgcagac gtgacttgaa360
gtgttgcatg ggcatgtgtg ggaaatcctg cgtttccctt gtgaaagctt gattcctgcc420
atatggagga ggctctggag tctgtctctg tgtggtccag gtccctttcca cctgagact480
tggtccacc actgatatcc tcctttgggg aaaggcttgg cacacagcag gctttcaaga540
agtgccagtt gatcaatgaa taaataaacg agcctatttc tctttgcaaa aaaaaaaaa 599

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 643 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98:

```

gggcccgcgg ctcggggcgta ggaggcgggtg cctctgcagc aagcgtgggg cgcggggaacc 60
cgagcaggac tctccagtcc tcagtcacct tggacaaaga agtgtggatc ctcagattcc120
atcttttcca actccaaggt gccatggcag agaaggtgct ggtaacaggt ggggctggct180
20 acattggcag ccacacgggt ctggagctgc tggaggctgg ctacttgctt gtggtcatcg240
ataacttcca taatgccttc cgtggagggg gctccctgcc tgagagcctg cggcgggtcc300
aggagctgac aggcgcgtct gtggagtttg aggagatgga cattttggac caggagagccc360
tacagcgtct cttcaaaaag tacagcttta tggcgggtcat ccactttgcg gggctcaagg420
ccgtgggcga gtcgggtgcag aagcctctgg attattacag agttaacctg accgggacca480
25 tccagcttct ggagatcatg aaggccacg ggggtgaagaa cctgggtgttc agcagctcag540
ccactgtgta cgggaacccc cagtacctgc ccccttgaat gaggggccacc ccacgggggtg600
ggatgtaaca accttacgga agtccaaatt tctttatctt ttc 643

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 860 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99:

```

ctogagccgc tcgagccgat tcggctcgag tgcctccaga ggactggcca cattttgcct 60
agataaagat gcacttagag atgaatatga tgatctctca gatttgaatg cagtacaaat120
65 ggagagtgtt cgagaatggg aaatgcagtt taaagaaaaa tatgattatg taggcagact180
cctaaaacca ggagaagaac catcagaata tacagatgaa gaagatacca aggatcaciaa240
taaacaggat tgaactttgt aaacaaccaa agtcaggggc cttcagaact gcaattctta300
ctccctttca cagactgtcc ggagtctttg gggttgattc acctgctgcg aaaaacattc360

```

aacaaattgt	gtacaagata	aattaatctc	actatgaaga	tttgaataac	tagacattat	420
ttatgctgcc	aaactcattt	gttgcaattg	tttgtaatgt	ctagtggggc	ttcatcatcc	480
tgaaaagaag	gagacagggg	tttttttaaa	gagcaagaaa	gtcacaatat	tacttctttc	540
cttccttttt	tccttctttc	ctttcttctt	tctctttctt	tcttttttaa	atatattgaa	600
gacaaccaga	tatgtatttg	ctactcaagt	gtacagatct	cctcaagaaa	catcaaggga	660
ctcctgtgtc	acatactgtg	tttttatttt	aacatgggtg	agggaggcga	cctgatcagg	720
ggaggtgggg	gtacacatca	atgtgagttg	ttcaggctac	tgaaacatta	aaatgtgaat	780
tcccaaactt	ttcttttttg	cattgttcgg	gggataggga	aatatcgttt	ttaaaggagt	840
cttgggaatt	gggtgtggga					860

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1155 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100:

cggggctcgc	ccagcctggt	ccggggagag	gactggctgg	gcaggggcgc	cgccccgcct	60
cgggagaggc	gggcccggcg	gggctgggag	tatttgaggc	tcggagccac	cgccccgcgc	120
gcgcccgcag	cacctcctcg	ccagcagccg	tccggagcca	gccaaocgagc	ggaaaatggc	180
agacaatttt	tcgctccatg	atgcgttatc	tgggtctgga	aacccaaacc	ctcaaggatg	240
gcctggcgca	tgggggaacc	agcctgctgg	ggcagggggc	tacccagggg	cttccatccc	300
tggggcctac	cccgggcagg	caccccagg	ggcttatcct	ggacaggcac	ctccaggcgc	360
ctaccctgga	gcacctggag	cttatcccgg	agcacctgca	cctggagtct	acccagggcc	420
acccagcggc	cctggggcct	acccatcttc	tggacagcca	agtgccaccg	gagcctaccc	480
tgccactggc	ccctatggcg	cccctgctgg	gccactgatt	gtgccttata	acctgccttt	540
gcctggggga	gtggtgcctc	gcatgctgat	aacaattctg	ggcacgggtga	agcccaatgc	600
aaacagaatt	gcttttagatt	tccaaagagg	gaatgatgtt	gccttccact	ttaaccacag	660
cttcaatgag	aacaacagga	gagtcattgt	ttgcaataca	aagctggata	ataactgggg	720
aagggaagaa	agacagtccg	ttttcccatt	tgaaagtggg	aaaccattca	aaatacaagt	780
actggttgaa	cctgaccact	tcaagggtgc	agtgaatgat	gctcacttgt	tgcagtacaa	840
tcactggggt	aaaaaactca	atgaaatcag	caaaactggga	atctctgggtg	acatagacct	900
caccagtgtc	tcataatacca	tgatataatc	tgaaaggggc	agattaaaaa	aaaaaaaaaga	960
atctaaacct	tacatgtgta	aaggtttcat	gttcaactgtg	agtgaaaatt	tttacattca	1020
tcaatatccc	tcttgtaagt	catctactta	ataaatatta	cagtgaaaaa	aaaaaaaaaaa	1080
aaaaaaaaaaa	gtcgaaaaag	gagggggaag	gagagagagg	gaagaagaga	gaggagaagg	1140
agggggggggg	tgggt					1155

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 522 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101:

```

aaaaatattt gctggaaatt gctgtgtagg attacaggcg tgaccactgc gcccggccac 60
attcagttct tatcaaagaa ataaccaga cttaatcttg aatgatacga ttatgcccac120
tattaagtaa aaaatataag aaaagggtat cttaaataga tcttaggcaa aataccagct180
gatgaaggca tctgatgcct tcatctgttc agtcatctcc aaaaacagta aaaataacca240
ctttttgttg ggcaatatga aatttttaaa ggagtagaat accaaatgat agaaacagac300
tgacctgaatt gagaattttg atttcttaaa gtgtgtttct ttctaaattg ctgttcctta360
atttgattaa ttttaattcat gtattatgat taaatctgag gcagatgagc ttacaagtat420
tgaaataatt actaattaat cacaaatgtg aagttatgca tgatgtaaaa aatacaaaaca480
ttctaattaa aggctttgca acacaaaaaa aagaaaaaaa aa 522

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1628 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102:

5

```

ccagctcgcc ctgcctagcc agggggcgccc cgccccctgc ctgcccggcc accttcggga 60
gccgcttcca ataggcggtc gccattggct ctggcgacct cgcgcggtt ggaggtgtag 120
cgcggctctg aacgcgctga gggccgttga gtgtcgcagg cggcgagggc gcgagtgagg 180
agcagaccca ggcacgcgcg gccgagaagg ccgggcgtcc ccacactgaa ggtccggaaa 240
ggcgacttcc gggggctttg gcacctggcg gacctcccog gagcgtcggc acctgaacgc 300
gaggcgctcc attgcgcgtg cgcgttgagg ggcttccogc acctgatcgc gagaccccaa 360
cggctggtgg cgtcgcctgc gcgtctcggc tgagctggcc atggcgcagt gtgcgggctg 420
aggcggagcg ggcgtttctc gccctgctgg gatcgtctgt cctctctggg gtccctggcg 480
ccgaccgaga acgcagcatc cacgaattct gcctgggtgc gaagggtgtg ggcagatgcc 540
gggcctccat gcctaggtgg tggtaacaatg tcactgacgg atcctgccag ctgtttgtgt 600
atgggggctg tgacggaaac agcaataatt acctgaccaa ggaggagtgc ctcaagaaat 660
gtgccactgt cacagagaat gccacgggtg acctggccac cagcaggaat gcagcggatt 720
cctctgtccc aagtgtctcc agaaggcagg attctgaaga ccaactccagc gatatgttca 780
actatgaaga atactgcacc gccaacgcag tcactgggccc ttgcccgtgca tccttcccac 840
gctggtactt tgacgtggag aggaactcct gcaataactt catctatgga ggctgccggg 900
gcaataagaa cagctaccgc tctgaggagg cctgcatgct ccgctgcttc cgccagcagg 960
agaatcctcc cctgcccctt ggctcaaagg tgggtggttct ggccggggctg ttctgtgatgg 1020
tgttgatcct cttcctggga gcctccatgg totacctgat ccgggtggca cggaggaacc 1080
aggagcgtgc cctgcgcacc gtctggagct ccggagatga caaggagcag ctggtgaaga 1140
acacatatgt cctgtgaccg ccctgtcgcc aagaggactg gggaaggag ggagactat 1200
gtgtgagctt tttttaaata gagggattga ctcgatttg agtgatcatt agggctgagg 1260
tctgtttctc tgggaggtag gacggctgct tcctgggtctg gcagggatgg gtttgctttg 1320
gaaatcctct agggagctcc tcctcgcagt gcctgcagtc tggcagcagc cccgagttgt 1380
ttcctcgtct atcgatttct ttctccagg tagagttttc tttgcttatg ttgaattcca 1440
ttgcctcttt tctcatcaca gaagtgatgt tggaatcggt tcttttgttt gtctgattta 1500
tgggtttttt aagtataaac aaaagttttt tattagcatt ctgaaagaag gaaagtaaaa 1560
tgtacaagtt taataaaaag gggccttccc ctttagaata aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1620
aaaaaaaaa

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 605 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103:

```

5  cctggcagct gtcggctgga aggaactggt ctgtcacac ttgttggtt ggcacatcagg 60
   actggcttta tctcctgact cacgggtgcaa aggtgcactc tgcgaacgtt aagtccgtcc120
   ccagcgcttg gaatcctacg gccccacag ccggtatccc tcagccttcc aggtcctcaa180
   ctcccgcgga cgctgaacaa tggcctccat ggggctacag gtaatgggca tcgcgtgggc240
   cgctcctgggc tggctggcgc tcatgctgtg ctgocgctg cccatgtggc gcgtgacggc300
10  cttcatcggc agcaacattg tcacctcgca gacctctgg gagggcctat ggatgaactg360
   cgtggtgcag agcaccggcc agatgcagt caaggtgtac gactcgctgc tggcactgcc420
   gcaggacctg caggcggccc gcgcctcgt catcatcagc atcatcgtg ctgctctggg480
   cgtgctgtg tccgtggtgg ggggcgaagt gtaacaaact tgcctggagg attaaaagcg540
   ccaagggcaa gaacatgatt cgttggcggg cgtgggtgtt tctgtttggg ccggcctaata600
15  ggggtg                                     605

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1183 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104:

```

50  ctccagccga ttccgctcga gccgctcctg cagctcttct cacaggacca gccactagcg 60
   cagctcgagc gatggcctat gtccccgcac cgggctacca gccacctac aaccgcagcg 120
   tgccttacta ccagcccatc ccggcggggc tcaacgtggg aatgtctgtt tacatccaag 180
   gagtgggcag cgagcacatg aagcggttct tcgtgaactt tgtggttggg caggatccgg 240
   gctcagacgt cgcttccac ttcaatccgc ggtttgacgg ctgggacaag gtggtcttca 300
   acacgttgca gggcggaag tggggcagcg aggagaggaa gaggagcatg cccttcaaaa 360
55  aggggtgccg ctttgagctg gtcttcatag tcttggtga gcactacaag gtggtggtaa 420
   atggaaatcc cttctatgag tacgggcacc ggcttccct acagatggtc acccacctgc 480
   aagtggatgg ggatctgcaa cttcaatcaa tcaacttcat cggaggccag cccctccggc 540
   ccaggggacc ccgatgatg ccaccttacc ctggtcccgg acattgccat caacagctga 600
   acagcctgcc caccatggaa ggacccccaa ccttoaaccc gcctgtgcca tatttcggga 660
60  ggctgcaagg agggctcaca gctcgaagaa ccatcatcat caagggtat gtgcctccca 720
   caggcaagag ctttgctatc aacttcaagg tgggctcctc aggggacata gctctgcaca 780
   ttaatccccg catgggcaac ggtaccgtgg tccggaacag ccttctgaat ggctcgtgg 840
   gatccgagga gaagaagatc acccacaacc catttggtcc cggacagttc tttgatctgt 900
   ccattcgctg tggcttgat cgcttcaagg tttacgccaa tggccagcac ctctttgact 960
65  ttgcccatcg cctctcggcc ttccagaggg tggacacatt ggaaatccag ggtgatgtca1020
   ccttgtccta tgtccagatc taatctattc ctggggccat aactcatggg aaaacagaat1080
   tatcccttag gactccttct taagccctta ataaaatgtc tgagggtgtc tcatgaaaaa1140
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa                                     1183

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2731 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105:

```

aggggggcg  acagacacag  actatgcaga  tgggagtga  gacaaagtag  tagaagtagc  60
agaggaggaa  gaagtggctg  aggtggagga  cgatgaggat  ggtgatgagg  tagaggaaga  120
ggctgaggaa  ccctacgaag  aagccacaga  gagacacaga  gtctgtggaa  gaggtgggtc  180
gagaggtgtg  ctctgaacaa  gccgagacgg  ggccgtgccg  agcaatgatc  tcccgctggg  240
actttgatgt  gactgaaggg  aagtgtgccc  cattctttta  cggcggatgt  ggcggcaacc  300
ggaacaactt  tgacacagaa  gagtactgca  tggccgtgtg  tggcagcgcc  attcctacaa  360
cagcagccag  taccctgat  gccgttgaca  agtatctcga  gacacctggg  gatgagaatg  420
aacatgcccc  tttccagaaa  gccaaagaga  ggcttgaggc  caagcaccga  gagagaatgt  480
cccaggatcat  gagagaatgg  gaagaggcag  aacgtcaagc  aaagaacttg  cctaaagctg  540
ataagaaggc  agttatccag  catttccagg  agaaagtggg  atctttggaa  caggaagcag  600
ccaacgagag  acagcagctg  gtggagacac  acatggccag  agtgggaagc  atgctcaatg  660
accgccggcg  cctggccctg  gagaactaca  tcaccgctct  gcaggctgtt  cctcctcggc  720
ctcgtcacgt  gttcaatatg  ctaaagaagt  atgtccgcgc  agaacagaag  gacagacagc  780
acaccctaaa  gcatttccag  catgtgcgca  tgggtggatcc  caagaaagcc  gctcagatcc  840
gggtcccagg  tatgacacac  ctccgtgtga  tttatgagcg  catgaatcag  tctctctccc  900
tgctctacaa  cgtgcctgca  gtggccgagg  agattcagga  tgaagttgat  gagctgcttc  960
agaaagagca  aaactattca  gatgacgtct  tggccaacat  gattagttaa  ccaaggatca  1020
gttacggaaa  cgatgctctc  atgccatctt  tgaccgaaac  gaaaaccacc  gtggagctcc  1080
ttcccgtaga  tggagagtgc  agcctggacg  atctccagcc  gtggcattct  tttggggctg  1140
actctgtgcc  agccaacaca  gaaaacgaag  ttgagcctgt  tgatgcccgc  cctgctgccg  1200
accgaggact  gaccactcga  ccaggttctg  ggttgacaaa  tatcaagacg  gaggagatct  1260
ctgaagttaa  gatggatgca  gaattccgac  atgactcagg  atatgaagtt  catcatcaaa  1320
aattgggtgt  ctttgcagaa  gatgtgggtt  caaacaaggg  tgcaatcatt  ggactcatgg  1380
tgggcggtgt  tgtcatagcg  acagtgatcg  tcatcacctt  ggtgatgctg  aagaagaaac  1440
agtacacatc  cattcatcat  ggtgtggttg  aggttgacgc  cgctgtcacc  ccagaggagc  1500
gccacctgtc  caagatgcag  cagaacggct  acgaaaatcc  aacctacaag  ttctttgagc  1560
agatgcagaa  ctagacccc  gccacagcag  cctctgaagt  tggacagcaa  aaccattgct  1620
tcaactacca  tcggtgtcca  tttatagaat  aatgtgggaa  gaaacaaacc  cggtttatga  1680

```

```

    tttactcatt atcgccctttt gacagctgtg ctgtaacaca agtagatgcc tgaacttgaa1740
    ttaaatccaca catcagtaat gtattctatc tctctttaca ttttgggtctc tatactacat1800
    tattaatggg ttttgtgtac tgtaaagaat ttagctgtat caaactagtg catgaataga1860
5   ttctctcctg attattttatc acatagcccc ttagccagtt gtatattatt cttgtgggtt1920
    gtgacccaat taagtccctac tttacatatg ctttaagaat cgatggggga tgcctcatgt1980
    gaacgtggga gttcagctgc ttctcttgcc taagtattcc tttcctgatc actatgcatt2040
    ttaaagttaa acattttttaa gtatttcaga tgcttttagag agattttttt tccatgactg2100
10  cattttactg tacagattgc tgcttctgct atatttgtga tataggaatt aagaggatac2160
    acacgtttgt ttcttcgtgc ctgttttatg tgcacacatt aggcatgtag acttcaagct2220
    tttctttttt tgtccacgta tctttgggtc tttgataaaag aaaagaatcc ctgttcattg2280
    taagcacttt tacggggcgg gtggggaggg gtgctctgct ggtcttcaat taccaagaat2340
    tctccaaaac aattttctgc aggatgattg tacagaatca ttgcttatga catgatcgct2400
15  ttctacactg tattacataa ataaattaaa taaaataacc ccgggcaaga cttttctttg2460
    aaggatgact acagacatta aataatcgaa gtaattttgg gtggggagaa gaggcagatt2520
    caattttctt taaccagctc gaagtttcat ttatgataca aaagaagatg aaaatggaag2580
    tggcaatata aggggatgag gaaggcatgc ctggacaaac ccttctttta agatgtgtct2640
    tcaatttgta taaaatggtg ttttcatgta aataaatata ttcttgaggg agccaaaaaa2700
20  aactatatta ctggcaggtt tataatatgg c                                     2731

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 2194 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - 30 (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
35 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - 45 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106:

```

55  gaattcagaa gttaatgatg ttgggtaaga gaacaatggt aagagagcaa tctaagaata 60
    tatcacctac ttaatttta tatgagagta catggaggta gctgtgatgt ggaaatgtag 120
    cactgctcct acccacgcag atttattcca gtgaaacaac aactggaact tcaagtaact 180
    cctcccagag tacttccaac tctgggttgg ccccaaatcc aactaatgcc accaccaagg 240
    cggtggtgg tgccctgcag tcaacagcca gtctcttctg ggtctcactc tctcttctgc 300
60  atctctactc ttaagagact caggccaaga aacgtcttct aaatttcccc atottctaaa 360
    cccaatccaa atggcgtctg gaagttccat gtggcaagga aaaacagggtc ttcacgaaat 420
    ctactaattc cacacctttt attgacacag aaaatgttga gaatcccaa tttgattgat 480
    ttgaagaaca tgtgagagggt ttgactagat gatggatgcc aatattaaat ctgctggagt 540
    ttcatgtaca agatgaagga gaggcaacat ccaaaatagt taagacatga tttccttgaa 600
65  tgtggcttga gaaatatgga cacttaatac taccttgaaa ataagaatag aaataaagga 660
    tgggattgtg gaatggagat tcagttttca tttggttcat taattctata aggccataaa 720
    acaggtaata taaaagcctt ccatgattct atttatatgt acatgagaag gaacttccag 780

```



```

gtgttactgt aattcctcaa cgtattgttt cgacagcact aatttaatgc cgatatactc 840
tagatgaagt tttaacattgt tgagctattg ctgttctctt gggaactgaa ctcactttcc 900
tcctgaggct ttggatttga cattgcattt gaccttttat gtagtaattg acatgtgcca 960
gggcaatgat gaatgagaat ctaccccccag atccaagcat cctgagcaac tcttgattat1020
ccatattgag tcaaattgga ggcatttcct atcacctgtt tccattcaac aagagcacta1080
cattcattta gctaaacgga ttccaaagag tagaattgca ttgaccgaga ctaatttcaa1140
aatgctttttt attattatta ttttttagac agtctcactt tgtcgcccag gccggagtgc1200
agtgggtgcga tctcagatca gtgtaccatt tgccctcccg gctcaagoga ttctcctgcc1260
tcagcctccc aagtagctgg gattacaggc acctgccacc atgcccggct aatttttgta1320
attttagtag agacagggtt tcaccatgtt gccaggctg gtttcgaact cctgacctca1380
ggtgatccac ccgcctcggc ctcccaaagt gctgggatta caggcttgag ccccccgcgc1440
cagccatcaa aatgctttttt atttctgcat atgttggaata cttttttacaa tttaaaaaaa1500
tgatctgttt tgaaggcaaa attgcaaatc ttgaaattaa gaaggcaaaa atgtaaagga1560
gtcaaaacta taaatcaagt atttgggaag tgaagactgg aagctaattt gcattaaatt1620
cacaaacttt tatactcttt ctgtatatac attttttttc tttaaaaaac aactatggat1680
cagaatagcc acatttagaa cactttttgt tatcagtcaa tattttttaga tagttagaac1740
ctggctcctaa gcctaaaagt gggcttgatt ctgcagtaaa tctttttacaa ctgcctcgac1800
acacataaac cttttttaaaa atagacactc cccgaagtct tttgttcgca tgggtcacaca1860
ctgatgctta gatgttccag taatctaata tggccacagt agtcttgatg accaaagtcc1920
tttttttcca tcttttagaaa actacatggg aacaaacaga tcgaacagtt ttgaagctac1980
tgtgtgtgtg aatgaacact cttgctttat tccagaatgc tgtacatcta ttttgattg2040
tatatttgtt ttgtgtattt acgctttgat tcatagtaac ttcttatgga attgatttgc2100
attgaacaca aactgtaaat aaaaagaaat ggctgaaaga gcaaaaaaaaa aggaaagaaa2160
aaagaaaaaa aaaagaaaaa aaaaaggggg aggc

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1812 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107:

```

cggaagggtgg accttgatg aattttgacg agaacaagtt cgtggaccga agaagatggg 60
ggccgcacgc ccaggcccg gcccgcagca ggccgagggtg gacacctgcc ccctgcgcaa 120
aggaaacatg aaacagaccc tacaggcagc tctgaagaac cccctatca acaccaagag 180
tcaggcagtg aaggaccggg caggcagcat tgtcttgaag gtgctcatct cttttaaagc 240
taatgatata gaaaaggcag ttcaatctct ggacaagaat ggtgtggatc tcctaatagaa 300
gtatatttat aaaggatttg agagcccgtc tgacaatagc agtgctatgt tactgcaatg 360
gcatgaaaag gcacttgctg ctggaggagt aggtccatt gttcgtgtct tgactgcaag 420

```

```

aaaaactgtg tagtctggca ggaagtggat tatctgcctc gggagtggga attgctggta 480
caaagaccaa aacaaccaa tgccaccgct gccctgtggg tagcatctgt ttctctcagc 540
tttgcccttct tgctttttca tatctgtaaa gaaaaaaatt acatatcagt tgccttttaa 600
5 tgaaaattgg gataatatag aagaaattgt gttaaaatag aagtgtttca tcctttcaaa 660
accatttcag tgatgtttat accaatctgt atatagtata atttacattc aagtttaatt 720
gtgcaacttt taaccctgt tggctgggtt ttgtttctgt ttgtttttgt attattttta 780
actaatactg agagatttgg tcagaatttg aggccagttt cctagctcat tgctagttag 840
gaaatgatat ttataaaaaa tatgagagac tggcagctat taacattgca aaactggacc 900
10 atattttccct tatttaataa gcaaaatatg tttttggaat aagtgggtggg tgaataccac 960
tgccaagtta tagctttgtt ttgtcttgcc tcctgattat ctgtactgtg ggtttaagta1020
tgctactttc tctcagcatc caataatcat ggccctcaa tttatttgtg gtcaccaggg1080
gttcagagca agaagtcttg ctttatacaa atgtatccat aaaatatcag agcttgttgg1140
15 gcatgaacat caaacttttg ttccactaat atggctctgt ttggaaaaaa ctgcaaatca1200
gaaagaatga tttgcagaaa gaaagaaaaa ctatgggtga atttaaactc tgggcagcct1260
ctgaatgaaa tgctactttc tttagaaata taatagctgc cttagacatt atgaggtata1320
caactagtat ttaagatacc atttaatatg ccccgtaaat gtcttcagtg ttcttcaggg1380
tagttgggat ctcaaaagat ttggttcaga tccaaacaaa tacacattct gtgttttagc1440
20 tcagtgtttt ctaaaaaaag aaactgccac acagcaaaaa attgtttact ttgttggaca1500
aaccaaatca gttctcaaaa aatgaccggt gcttataaaa agttataaat atcgagttagc1560
tctaaaacaa accacctgac caagagggaa gtgagcttgt gcttagtatt tacattggat1620
gocagttttg taatcactga cttatgtgca aactggtgca gaaattctat aaactctttg1680
25 ctgtttttga tacctgcttt ttgtttcatt ttgttttgtt ttgtaaaaat gataaaaactt1740
cagaaaaataa aatgtcagtg ttgaataaaa taaaaaaaca aattgaagaa gaggatggag1800
atttcgactt gg 1812

```

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108:

```

60 aacgactcct ggtaccttgc tccattact tccggttttc tcgactctgt gctcgtctca 60
ggctcgtagt tcgcttcaa catgccgaa ccagcgaagt ccgctcccgc gcccaagaag120
ggctcgaaga aagccgtgac taaggcgcag aagaaggacg gcaagaagcg caaggcagcc180
65 gcaaggagag ctactccgta tacgtgtaca aggtgctgaa gcaggtccac cccgacaccg240
gcatctcctc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacgacatc ttggaacgca300
tcgogggtga ggcttccgcg ctggcgcatt acaacaagcg ctcgaccatc acctccaggg360

```

```

agatccagac ggccgtgccc ctgctgctgc ccggggagtt ggccaagcac gccgtgtccg420
agggcaccac ggccgtcacc aagtacacca gcgctaagta aacttgccaa ggagggactt480
tctctggaat ttcttgatat gaccaagaaa gcttcttatc aaaagaagca caattgcctt540
cggttacctc attatctact gcagaaaaga agacgagaat gcaaccatac ctatgtggac600
ttttccacaa gctaaagctg gcctcttgat ctcatcaga ttccaaagag aatcatttac660
aagttaattt ctgtctcctt ggtccattcc ttctctctaa taatcattta ctgttcctca720
aagaattgtc tacattaccc atctcctctt ttgcctctga gaaagagtat ataagcttct780
gtacccctact ggggggttgg ggtaatatc tgtggctctc agccctgtac cttataaat840
ttgtatgcct tttctcttaa aaaaaaaaaa aagaagaagg aagaggatgc 890

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 274 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109:

```

ggcgggggccc gggcgagtga gagccggacg ggcactgggc gactctgtgc ctgcgtgagg 60
aaaaataagt aaagatgggt aaaggagatc ctaagacgcc gagaggcaaa atgcatcat120
atggatttgt tgtggaaact tgtggggagg ggctaagagg aagcagccag atgcttcagt180
caacttgtoa gagttttcta agaagtggtc agagaggtgg aagagcatgt gtgctaaaga240
gaaagggaaa tttgaggata tgggaaaagc ggac 274

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2627 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110:

```

15  ggcacgagat gtgaaaaggt tttgtgtaca ccacctccaa aaataaaaaa tggaaaacac 60
    accttttagt aagtagaagt atttgagtat cttgatgcag taacttatag ttgtgatcct 120
    gcacctggac cagatccatt ttcacttatt ggagagagca cgattttatt tggtgacaat 180
20  tcagtgtgga gtogtgcctgc tccagagtgt aaagtggcca aatgtcgatt tccagtagtc 240
    gaaaatggaa aacagatata aggatttggg aaaaaatttt actacaaagc aacagttatg 300
    tttgaatgag ataagggttt ttacctcgat ggcagcgaca caattgtctg tgacagtaac 360
    tctccagcgt ccagtgcctc aggtcctagg cctacttaca agcctccagt ctcaaattat 480
25  ccaggatata ctaaacctga ggaaggaata cttgacagtt tggatgtttg ggtcattgct 540
    gtgattgtta ttgccatagt tgttggagtt gcagtaattt gtgtgtgtcc gtacagatat 600
    cttcaaagga ggaagaagaa agggaaagca gatggtggag ctgaatatgc cacttaccag 660
    actaaatcaa ccaactccagc agagcagaga ggctgaatag attccacaac ctggtttgcc 720
30  agttcatctt ttgactctat taaaatcttc aatagttgtt attctgtagt ttactctca 780
    tgagtgcacac tgtggccttag ctaatatattg aatgtggcct gaatgtagg agcatccttt 840
    gatgcttctt tgaaacttgt atgaatttgg gtatgaacag attgcctgct ttcccttaaa 900
    taacacttag attttattga ccagtcagca cagcatgcct gtttgattta aagcagggat 960
    atgctgtatt ttataaaaatt ggcaaaaatta gagaaatata gttcacaatg aaattatatt 1020
35  ttctttgtaa agaaagtggc ttgaaatctt ttttgttcaa agattaatgc caactcttaa 1080
    gattattctt tcaccaacta tagaatgtat tttatatatc gttcattgta aaaagccctt 1140
    aaaaatatgt gtatactact ttggctcttg tgcataaaaa caagaacact gaaaattggg 1200
    aatatgcaca aacttggctt ctttaaccaa gaattattat ggaaaattct ctaaaagtta 1260
    atagggtaaa ttctctatatt tttgtaattg gttcgggtgat ttcagaaagc tagaaagtgt 1320
40  atgtgtggca tttgttttca ctttttaaaa catccctaac tgatcgaata tatcagtaat 1380
    ttcagaatca gatgcacact ttcataagaa gtgagaggac tctgacagcc ataacaggag 1440
    tgccacttca tgggtgcgaag tgaacactgt agtcttgggt ttttcccaaa gagaactccg 1500
    tatgttctct taggttgagt aaccactctt gaattctggg tacatgtgtt tttctctccc 1560
45  tccttaaaata aagagagggg ttaaaccatgc cctotaaaag taggtgggtt tgaagagaat 1620
    aaattcatca gataacctca agtcacatga gaattctagt ccatttacat tgccttggct 1680
    agtaaaagcc atctatgtat atgtcttacc tcatctccta aaaggcagag taaaaagtaa 1740
    gccatgtatc tcaggaaggt aacttcattt tgtctatatt ctggttgatt taccaaggga 1800
    tggaagaagt aaatatagct caggtagcac tttataactc ggcagatctc agccctctac 1860
50  tgagtccctt agccaagcag tttctttcaa agaagccagc aggcgaaaag cagggactgc 1920
    cactgcattt catatcacac tgttaaaagt tgtgttttga aattttatgt ttagttgcac 1980
    aaattgggcc aaagaaacat tgccttgagg aagatatgat tggaaaatca agagtgtaga 2040
    agaataaata ctgttttact gtccaaagac atgtttatag tgcctgttaa atgttcctt 2100
    cctttgtagt ctctggcaag atgctttagg aagataaaaag tttgaggaga acaaacagga 2160
55  attctgaatt aagcacagag ttgaagttaa taccogtttc acatgctttt caagaatgtc 2220
    gcaattacta agaagcagat aatgggtgtt tttagaaacc taattgaagt atattcaacc 2280
    aaatacttta atgtataaaa taaatattat acaatatact tgtatagcag tttctgcttc 2340
    acatttgatt ttttcaaatt taatatttat attagagatc tatatatgta taaatatgta 2400
    ttttgtcaaa tttgttactt aaatatatag agaccagttt tctctggaag tttgtttaaa 2460
60  tgacagaagc gtatatgaat tcaagaaaat ttaagctgca aaaatgtatt tgctataaaa 2520
    tgagaagtct cactgataga ggttctttat tgotcatttt ttaaaaaatg gactcttgaa 2580
    atctgttaaa ataaaattgt acatttggaa aaaaaaaaaa gccaaaaa 2627

```

65 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 976 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111:

30

```

ctcgagccgc gagattcccc cgaagttctc catgaagcgc ctcaccgccg gcctcatcgc 60
cgtcatcgtg gtggtcgtgg tggccctcgt cgcggcatg gccgtcctgg tgatcaccaa120
ccggagaaag tcggggaagt acaagaaggt ggagatcaag gaactggggg agttgagaaa180
ggaaccgagc ttgtaggtag ccggcggggc aggggatggg gtgggggtacc ggatttcggt240
atcgtcccgag acccaagtga gtcacgcttc ctgattcctc ggcgcaaagg agacgtttat300
cctttcaaat tctgccttc cccctccctt ttgcgcacac accaggttta atagatcctg360
gcctcagggt ctcctttctt tctcacttct gtcttgaagg aagcatttct aaaatgtatc420
ccctttcggg ccaacaacag gaaacotgac tggggcagtg aaggaaggga tggcatagcg480
ttatgtgtaa aaaacaagta tctgtatgac aaccgggat cgtttgcaag taactgaatc540
cattgcgaca ttgtgaaggc ttaaagttag ttagatggga aatagcgttg ttatcgcctt600
gggttttaaat tatttgatga gttccacttg tatcatggcc tacccgagga gaagaggagt660
ttgttaactg ggcctatgta gtaccctcat ttaccatcgt ttgtattact gaccacatat720
gcttgtcact gggaaagaag cctgtttcag ctgcctgaac gcagtttgga tgtctttgag780
gacagacatt gcccggaaac tcagtctatt tattcttcag cttgccctta ctgccactga840
tatttgtaat gttctttttt gtaaaatggt tgtacatatg ttgtctttga taatgttgct900
gtaatttttt aaaaataaac acgaatttaa taaaatatgg gaaaggcaca caaaaaaaaa960
aaaaaaaaaa aaaaac

```

976

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1427 Basenpaare

55

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112:

```

15      cttccgggggt gactgcctct tccagggcgg gcggtgtggt gcacgcattg ctgtgctcca 60
      actccctcag ggcctgtgtt gccgcactct gctgctatga gcttcctcaa aagtttcccg 120
      ccgcctgggc cagcggaggg gctcctgcgg cagcagccag acaactgaggc tgtgctgaac 180
20      gggaagggcc tcggcactgg taccctttac atcgctgaga gccgcctgtc ttggttagat 240
      ggctctggat taggattctc actggaatac cccaccatta gtttacatgc attatccagg 300
      gaccgaagtg actgtctagg agagcatttg tatgttatgg tgaatgccaa atttgaagaa 360
      gaatcaaaag aacctgttgc tgatgaagaa gaggaagaca gtgatgatga tgttgaacct 420
      attactgaat ttagatttgg gcctagtgat aaatcagcgt tggaggcaat gttcactgca 480
25      atgtgcgaat gccaggcctt gcatccagat cctgaggatg aggattcaga tgactacgat 540
      ggagaagaat atgatgtgga agcacatgaa caaggacagg gggacatccc tacattttac 600
      acctatgaag aaggattatc ccatctaaca gcagaaggcc aagccacact ggagagatta 660
      gaaggaatgc tttctcagtc tgtgagcagc cagtataata tggctggggg caggacagaa 720
      gattcaataa gagattatga agatgggatg gaggtggata ccacaccaac agttgctgga 780
30      cagtttgagg atgcagatgt tgatcactga aaatgattta tgcaagttaa agattctgct 840
      cctaagtgtg ggagagaact tgggtgcctct tccactctgg agtgaagtta atgaaagtct 900
      ttttcctttt ccaaaaccca acctgaacca gttctttctt gagacagact atactgagac 960
      aacaagttgt caccagcaga agatagataa tatgaccttt attaaactga tgaattaact1020
35      taaccaagag ggtatttgta gtttactatt taccctaaaa ctttctgtgt ctgggtaccc1080
      tctgagtagg cctataattc ctaccttgac tgtgtgcatc atttgtaagc tagcagatct1140
      atgtggtgaa aatgcacagg agcttggtag actgcggggg aaagagagag ctcttttcgc1200
      catgttttac cagtctgctg ttataacctc ttaggttgta tcctttaatt tccagccttt1260
      taggttagtt tctgtaacag aacaagttag tctgggatga agtoctcaaa gtacttcaaa1320
40      tggttaattgt tttgtttttg taatagctta acaaataaac ctaggttttc tatattaaaa1380
      aaaaaaaaaa aaaaaaaga aaggtacctg ccctaataat attctgc 1427

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2639 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113:

5

tccctatctt	acccttccc	attctccttt	tttcttttct	ttttttatat	ggctttcttc	60	
ttttctttct	ttcttttttc	ttcccccttt	tatttgacca	gtgtaaataa	caaacattta	120	10
ttggtgtcac	ttatggtaga	aaaaacttcc	tacaccagat	gcacatgacc	cagttgttaa	180	
atagaacatt	ttgaaggtaga	acacacaccc	taacccaggt	tttttaccgc	ctttttaaga	240	
tggccaattc	ttctttctcc	ccccacccaa	agacatgtga	gcaactgcta	atgaaaagca	300	
gtaaacagcc	gcttaggcta	tagcagtttc	aactccactc	tgaggtgaag	attccaatta	360	
cattcgagac	ttaaagtctt	tcaatttttt	cctaacaaaa	gttcctgagt	ccagtattta	420	15
caatattaca	gcactagcag	atcagtgctc	acaactcatc	tttttctgct	gtatcctctt	480	
caccagttgg	gggagggcct	gcacttccat	agagtttgct	gataattggg	tgaacaattt	540	
cttccagttc	cttcttctta	gctttgaagt	cttcaatgtc	agcatcttgg	tggctttcca	600	
gccattcaat	cttttcttct	acagcttttt	ccatgggtctc	cttatcttca	gaggaaagtt	660	20
tacctcccag	cttttcttta	tctccaatct	gattcttttag	agaataggca	tagctttcca	720	
actcatttct	agtatcaatg	cgctccttga	gctttttgtc	ttcctcagca	aacttctcag	780	
catcattaac	catcctttcg	atttcttcag	gtgtcaggcg	attctgggtc	ttgggtgattg	840	
tgatcttatt	tttggtccct	gtacccttgt	cttcagctgt	cactcgaaga	ataccattca	900	
catctatctc	aaaggtgact	tcaatctgtg	ggacccccag	aggagcagga	ggaattccag	960	25
tcagatcaaa	tgtaccaga	agatgattgt	cttttgtcag	gggtctttca	ccttcataga	1020	
ccttgattgt	aacagttggg	tgattatcag	aagctgtaga	aaagatctga	gacttcttgg	1080	
taggcaccac	tgtgttcctt	ggaatcagtt	tggtcatgac	acctcccaca	gtttcaatac	1140	
caagtgtaa	gggacataca	tcaagcagta	ccaggtcacc	tgtatcttga	tcaccagaga	1200	
gcacaccagc	ctggacagca	gcaccatacg	ctacagcttc	atctggggtt	atgccacggg	1260	30
atggttcctt	gccattgaag	aactctttaa	ccagttgtgt	aatctttgga	attcgagtcg	1320	
agccaccaac	aagaacaatt	tcatcaatat	cagacttctt	caaatacaga	tcttccaaca	1380	
ctttctggac	gggcttcata	gtagaccgga	acagatccat	gttgagctct	tcaaatttgg	1440	
cccgagtcag	ggtctcagaa	aagtcttctc	cttcatagaa	ggactcaatt	tcaattcttg	1500	35
cttgatgctg	agaagacagg	gcccgtttgg	ccttttctac	ctcgcgccgg	agtttctgca	1560	
cagctctatt	gtctttcctg	acatctttgc	cogtcttctt	tttgtacagt	ttgatgaagt	1620	
gttccatgac	acgctgggtc	aagtcttctc	caccacagat	agtatctcca	ttagtggcca	1680	
caacttcgaa	gacaccattg	tcaatgggtg	gaagagacac	atcgaagggt	ccgccaccca	1740	
ggtcaaacac	caggatgttc	ttctccccct	ccctcttctc	caggccataa	gcaatagcag	1800	40
ctgccgtagg	ctcggttagt	atcctcataa	catttaggcc	agcaatagtt	ccagcgtctt	1860	
tgggttgctt	gcgttgggca	tcattaaaat	aggctgggtc	agtaacaact	gcatgggtaa	1920	
ccttctttcc	caaataagcc	tcagcgggtt	ctttcatttt	agtgagaacc	atggcagaaa	1980	
tttcttcagg	agcaaatgtc	tttgtttgcc	cacctccaat	atcaacttga	atgtatgggt	2040	
tagttttctt	ttcaaccacc	ttgaacggca	agaacttgat	gtcctgctgc	acagacgggt	2100	45
cattccacgt	gcggccgatg	agccgcttgg	cgtcaaagac	cgtgttctcg	gggttggagg	2160	
tgagctgggt	cttgccggca	tcgccaatca	gacgttcccc	ttcaggagtg	aaggcgacat	2220	
aggacggcgt	gatgcggtt	cctgatcgt	tgccgatgat	ctccacgcgg	ccgttcttga	2280	
acacgccgac	gcaggagtag	gtggtcccca	ggtcgatgcc	gaccaccgtg	cccacgtcct	2340	50
ccttcttgtc	ctcctcctcg	gcccgcgccg	cgctgagcag	cagcagcatc	gcggccacca	2400	
gggagagctt	catcttgcca	gccagttggg	cagcagcagg	cagtccagcc	acaggccgta	2460	
gcacaggagc	acagcgcaat	ttccgacttg	caggcggcag	gggcccgggg	tcacaaggcg	2520	
ccacgaacca	ggcgaagggc	aggtctagaa	atacaggccg	cggcgcttcc	ctctcacact	2580	
cgcgaaacac	cccaataggt	caatctgtct	gtgctgtctt	ggcgggcac	gaccttag	2639	55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

60

(A) LÄNGE: 634 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114:

```

ctcccgcgcg cgcggttaaa tcccgccacc tgagcatcgg ctcacacctg cccccgccc 60
gggcatagca ccatgcctgc ttgtcgccca ggcccgttag ccgcccgcct cctcctcagc120
ctgctgctgt tcggcttcac cctagtctca ggcacaggag cagagaagac tggcgtgtgc180
cccagctcc aggtcgacca gaactgcacg caagagtgcg tctcggacag cgaatgcgcc240
gacaacctca agtgctgcag cgcggtgtgt gccaccttct gctctctgcc caatgataag300
gagggttcc tccccagggt gaacattaac tttccccagc tcggcctctg tcgggaccag360
tgccaggtgg acagccagtg tcttgccag atgaaatgct gccgcaatgg ctgtgggaag420
gtgtcctgtg tctctcccaa tttctgagct ccagccacca ccaggctgag cagtggaggag480
agaaagtctc tgcctggccc tgcctctggt tccagcccaa ctgcccctcc ctttttcggg540
actctgtatt cctctctggg ctgaccacag cttctccctt tcccaaccaa taaagtaacc600
actttcagca aaaaaaaaaa aaaaaaaca aaaa 634

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 719 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115:


```

gtcgactttt tttttttttt ttttaacatgg aaaagtattt ttaaaaaatcg aataatccta 60
ttcaagtcaa ccagtggttaa ccccggtgtg cttcctgcca gtctgttcct ccccatggga120
gtcacacaaa atgaaaatct cctagaaaaga gaagacaaaag acccgcaaaa gatgtatgcc180
accatctatg agctgaaaga agacaagagc tacaatgtca cctccgtcct gtttaggaaa240
aagaagtgtg actactggat caggactttt gttccagggt gccagcccgg cgagttcacg300
ctgggcaaca ttaagagtta cctgggatta acgagttacc tcgtccgagt ggtgagcacc360
aactacaacc agcatgctat ggtgttcttc aagaaagttt ctcaaaacag ggagtacttc420
aagatcacc cttacgggag aaccaaggag ctgacttcgg aactaaagga gaacttcac480
cgcttctcca aatctctggg cctccctgaa aaccacatcg tcttccctgt cccaatcgac540
cagtgtatcg acggctgagt gcacaggtgc cgccagctgc cgcaccagcc cgaacacccat600
tgaggggagct gggagaccct cccacagtg ccacccatgc agctgtcccc caggccaccc660
cgctgatgga gccccacctt gtctgtctaa taaacatgtg ccctcaaaaa aaaaaaaaaa 719

```

5

10

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 494 Basenpaare

20

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116:

45

```

gtcgataacg ccagacgcaa gacgccgggc ctacagcggg agcgtgagga aagccgtgcg 60
ttcggttcca aggcattctgt gagcccgcgg agtatacacc atgagcaaag ctcaccctcc120
cgagttgaaa aaatttatgg acaagaagtt atcattgaaa ttaaatgggt gcagacatgt180
ccaaggaata ttgcggggat ttgatccctt tatgaacctt gtgatagatg aatgtgtgga240
gatggcgact agtggaacaac agaacaatat tggaatgggt gtaatacagag gaaatagtat300
catcatgtta gaagccttgg aacgagtata aataatggct gttcagcaga gaaacccatg360
tcctctctcc atagggcctg ttttactatg atgtaaaaat taggtcatgt acattttcat420
attagacttt ttgttaaata aacttttgta atagtcaaaa aaaagtttgg tctcatctac480
cttataatat ctgc

```

50

55

494

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1065 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

65

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117:

```

acgcggctga ctacgctcaa agctccattg ttagatcctt tctgtcctcc ttcttggtcc 60
ctccttcctc cccacccctc taataggctc ataagtgggc tcaggcctct ctgcggggct 120
cactctgcgc ttcaccatgg ctttcattgc caagtccctc tatgacctca gtgccatcag 180
cctggatggg gagaaggtag atttcaatac gttccggggc agggcgtgc tgattgagaa 240
tgtggcttcg ctctgaggca caaccacccg ggacttcacc cagctcaacg agctgcaatg 300
ccgctttccc aggcgcctgg tggctccttg cttcccttgc aaccaatttg gacatcagga 360
gaactgtcag aatgaggaga tcctgaacag tctcaagtat gtccgtcctg ggggtggata 420
ccagcccacc ttcacccttg tccaaaaatg tgagggtgaat gggcagaacg agcatcctgt 480
cttcgcctac ctgaaggaca agctccccta cccttatgat gacccatctt ccctcatgac 540
cgatcccaag ctcctcattt ggagccctgt gcgcgcgtca gatgtggcct ggaactttga 600
gaagtctctc atagggcggg agggagagcc cttccgacgc tacagccgca ctttcccaac 660
catcaacatt gagcctgaca tcaagcgctt ccttaaagtt gccatataga tgtgaactgc 720
tcaacacaca gatctcctac tccatccagt cctgaggagc cttaggatgc agcatgcctt 780
caggagacac tgctggacct cagcattccc ttgatatcag tccccttcac tgcagagcct 840
tgcttttccc ctctgcctgt ttctttttcc tctcccaacc ctctgggttg tgattcaact 900
tgggctccaa gacttgggta agctctgggc cttcacagaa tgatggcacc ttcttaaacc 960
ctcatgggtg gtgtctgaga ggcgtgaagg gcctggagcc actctgctag aagagaccaa 1020
taaagggcag gtgtggaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1065

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2744 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118:

5

```

acgcagggct gggcggtgagg gggcggtgccc gtgctgcaggc gacgcgcgca ggtactaggg 60
agagccgtgg aaccgcccgc aggtcgctgt tggccacgc cgcgcgtgc gccgcccgc 120
cgctcagcgt ccgcccgcgc catgggagtg cagggtgaaa ccatctcccc aggagacggg 180
cgcaccttcc ccaagcgagg ccagacctgc gtggtgcaact acaccgggat gcttgaagat 240
ggaaagaaat ttgattcctc ccgggacaga aacaagccct ttaagtttat gctaggcaag 300
caggaggtga tccgaggctg ggaagaaggg gttgcccaga tgagtgtggg tcagagagcc 360
aaactgacta tatctccaga ttatgcctat ggtgccactg ggaccccagg catcatcca 420
ccacatgcca ctctcgtctt cgatgtggag cttctaaaac tggaatgaca ggaatggcct 480
cctcccttag ctccctgttc ttggatctgc cgtggaggga tctggtgcct ccagacatgt 540
gcacatgaat ccataatggag ctttctctga tgttccactc cactttgtat agacatctgc 600
cctgactgaa tgtgttctgt cactcagctt tgcttccgac acctctgttt cctcttcccc 660
tttctcctcg tatgtgtgtt tacctaaact atatgccata aacctcaagt tactcatttt 720
attttgtttt cattttgggg tgaagattca gtttcagtct tttggatata ggtttccaat 780
taagtacatg gtcaagtatt aacagcacia gtggtaggtt aacattagaa taggaattgg 840
tggtgggggg ggggttttgc agaataattt attttaattt tttggatgaa atttttatct 900
attatataat aaacattctt gctgctgccc tgcaaagcca tagcagattt gaggcgctgt 960
tgaggactga attactctcc aagttgagag atgtcttttg gttaaattaa aagccctacc 1020
taaaactgag gtggggatgg ggagagcctt tgcctccacc attcccaccc accctcccct 1080
taaaccctct gcctttgaaa gtagatcatg ttcactgcaa tgctggacac tacaggtatc 1140
tgtccctggg ccagcaggga cctctgaagc cttctttgtg gccttttttt ttttcatcc 1200
tgtggttttt ctaatggact ttcaggaatt ttgtaatctc ataactttcc aagctccacc 1260
acttcctaaa tottaagaac ttttaattgac agtttcaatt gaaggtgctg tttgtagact 1320
taacaccag tgaaagccca gccatcatga caaatccttg aatgttctct taagaaaatg 1380
atgctggtca tcgcagcttc agcatctcct gttttttgat gcttggctcc ctctgctgat 1440
ctcagtttcc tggcttttcc tccctcagcc ccttctcacc cctttgctgt cctgtgtagt 1500
gatttgggtg gaaatcggtg ctgcaccctt cccccagcac catttatgag tctcaagttt 1560
tattattgca ataaaagtgc tttatgcggg cttttctcaa aaaaagtgct gagggaaggg 1620
tgagcaacg atttctcacc aaatcactac acaggacagc aaaggggtga gaaggggctg 1680
agggaggaag agccaggaaa ctgagatcag cagagggagc caagcatcaa aaaacaggag 1740
atgctgaagc tgcgatgacc agcatcattt tcttaagaga acattcaagg atttgtcatg 1800
atggctgggc tttcactggg tgtaagtctt acaaacagca ccttcaattg aaactgtcaa 1860
ttaaagttct taagatttag gaagtgggtg agcttggaaa gttatgagat taaaaattc 1920
ctgaaagtcc attagaaaaa ccacaggatg aaaaaaaaaa aaggccacaa agaaggcttc 1980
agaggtccct gctggcccag ggacagatac ctgtagtgtc cagcattgca gtgaacatga 2040
tctactttca aaggcagagg gttaaggggg aggggtgggtg gcaatgggtg aggcaaaggc 2100
tctcccatc cccacctcag ttttaggtac ggcccttaaa ttaacccaaa gacatctctc 2160
aacttggaga gtaattcagt cagggcagat gtctatacaa agtggagtgg aacatcagga 2220
aaagctccat atggattcat gtgcacatgt ctggaggcac cagatccctc cacggcagat 2280
ccaagaacag ggagctaagg gagaggcca ttctgtcat tccagtttta gaagctccca 2340
caatcgaaga cgagagtggc atgtggtggg atgatgccct tgccccagc ggcaccatag 2400
gcataatcct ggagatatag tcagtttggc tctctgaccc acactcatct gggcaacccc 2460
ttcttcccag cctcggatca cctcctgctt gcctagcata aacttaaagg gcttgtttct 2520
gtcccgggag gaatcaaatt tctttccatc ttcaagcatc cgggtgtagt gcaccacgca 2580
ggctctggcg cgcttgggga aggtgcgccc gtctcctggg gagatgggtt ccacctgcac 2640
tcccatggcg gcggcgagcg ctgagcgggc gggcggcgcg acgggcggcg tggaccaaca 2700
gcgacctggc ggcggttcca cggtctctgc tagtacctcg gcgc

```

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 521 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119:

```

cttactgtcg tagttccgcg tctgaggetc gacgtcctgg ggtgccattg cctgcctgag 60
tcacgtgtca gggggaagct ggaaggcgtc gttctccttt cccagctctc ctgcctgtcc120
gccatgtttt caggccgggt ctggcttggc cttccccctg aaggaaatgg ccggggagct180
ccaggggacc caggcgccgt cgcttcggcg gagctgggct gaccagccag gacagcgggg240
taaaccgaa caattctgcg cgaggtaggg aggccatggc gtccggcagt aactggctct300
ccggggtgaa tgtcgtgctg gtgatggcct acgggagcct ggacttgaaa gaggagattg360
atattcgact ctccagggtt caggatatca agtatgagcc ccagctcctt gcagatgatg420
atgctagact actacaactg gaaaccagg gaaatcaaag ttgcttacia ctatctgtat480
tagggtgaaa gctgctggga tgcccatttc gtaccttttt g 521

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 648 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120:

```

ggactgcggt cgtagtctc cggcgagttg ttgcctgggc tggacgtggt tttgtctgct 60
gcgcccgcctc ttgcgctctc cgtttcattt tctgcagcgc gccagcagga tggcccacaa120
gcagatctac tactcggaac agtacttoga cgaacactac gactaccggc atgttatgtt180
accagagaaa ctttccaaac aagtacctaa aactcatctg atgtctgaag aggagtggag240
gagacttggt gtccaacaga gtctaggctg gggttcattac atgattcatg agccagaacc300
acatattctt ctcttttagac gacctcttcc aaaagatcaa caaaaatgaa gtttatctgg360
ggatcgtcaa atcttttttca aatttaagt atagtgtat ataaggtagt attcagtga420
tacttgagaa atgtacaaat ctttcatcca tacctgtgca tgagctgtat tcttcacagc480
aacagagctc agttaaatgc aactgcaagt aggttactgt aagatgttta agataaaagt540
tcttccagtc agtttttctc ttaagtgcct gtttgagttt actgaaacag tttacttttg600
ttcaataaag tttgtatgtt gcatttaaaa aaaaaaaaaa aaagtcga 648

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1842 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121:

```

ctcgagccgc tcgagccgct gctctctgga gggggtagag atcaaaggcg gctccttccg 60
acttctccaa gagggccagg cactggagta cgtgtgtcct tctggcttct acccgtaacc 120
tgtgcagaca cgtacctgca gatctacggg gtcctggagc accctgaaga ctcaagacca 180
aaagactgtc aggaaggcag agtgcagagc aatccactgt ccaagaccac acgacttoga 240
gaacggggaa tactggcccc ggtctcccta ctacaatgtg agtgatgaga tctctttcca 300
ctgctatgac ggttacactc tccggggctc tgccaatcgc acctgccaag tgaatggccg 360
gtggagtggg cagacagcga tctgtgacaa cggagcgggg tactgctcca acccgggcat 420
ccccattggc acaaggaagg tgggcagcca gtaccgcctt gaagacagcg tcacctacca 480
ctgcagccgg ggggttacct tgctgtggctc ccagcggcga acgtgtcagg aagggtggctc 540
ttggagcggg acggagcctt cctgccaaga ctccttcatt taogacacc ctcaagaggt 600
ggccgaagct ttctgtctt cctgacaga gaccatagaa ggagtcgatg ctgaggatgg 660
gcacggccca ggggaacaac agaagcggaa gatcgtcctg gacccttcag gctccatgaa 720
catctacctg gtgctagatg gatcagacag cattggggcc agcaacttca caggagccaa 780
aaagtgtcta gtcaacttaa ttgagaagggt ggcaagttat ggtgtgaagc caagatatgg 840
tctagtgaca tatgccacat accccaaaat ttgggtcaaa gtgtctgaag cagacagcag 900
taatgcagac tgggtcacga agcagctcaa tgaaatcaat tatgaagacc acaagttgaa 960
gtcaggggact aacaccaaga aggccttcca ggcagtgtac agcatgatga gctggccaga1020
tgacgtccct cctgaaggct ggaaccgcac ccgccatgtc atcatcctca tgactgatgg1080
attgcacaac atgggogggg acccaattac tgtcattgat gagatccggg acttgctata1140
cattggcaag gatcgcaaaa acccaaggga ggattatctg gatgtctatg tgtttgggggt1200

```

```

oggggocctttg gtgaaccaag tgaacatcaa tgctttggct tccaagaaag acaatgagca1260
acatgtgttc aaagtcaagg atatggaaaa cctggaagat gttttctacc aaatgatcga1320
tgaagccag tctctgagtc tctgtggcat ggtttgggaa cacaggaagg gtaccgatta1380
5 ccacaagcaa ccatggcagg ccaagatctc agtcattcgc ccttcaaagg gacacgagag1440
ctgtatgggg gctgtggtgt ctgagtactt tgtgctgaca gcagcacatt gtttcaactgt1500
ggatgacaag gaacactcaa tcaaggctcag cgtaggaggg gagaagcggg acctggagat1560
agaagtagtc ctatttcacc ccaactacaa cattaatggg aaaaaagaag caggaattcc1620
10 tgaattttat gactatgacg ttgccctgat caagctcaag aataagctga aatatggcca1680
gactatcagg cccatttgct tcccctgcac cgagggaaca actcgagctt tgaggcttcc1740
tccaactacc acttgccagc aacaaaagga agagctgctc cccgcagaag agcaaaagaa1800
gctgtgtttg tccgggggga gaaaaaacc gccccggggg gg 1842

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1596 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122:

```

ggcgggtata aaagcccccac ccaggccagc cggctctgct cagcatttgg ggacgctctc 60
agctctcggc gcacggccca gcttccttca aaatgtctac tgttcacgaa atcctgtgca 120
50 agctcagctt ggaggggtgat cactctacac ccccaagtgc atatgggtct gtcaaagcct 180
ataactaactt tgatgctgag cgggatgctt tgaacattga aacagccatc aagaccaaag 240
gtgtggatga ggtcaccatt gtcaacattt tgaccaaccg cagcaatgca cagagacagg 300
atattgcctt cgcctaccag agaaggacca aaaaggaact tgcatacagca ctgaagtcag 360
55 ccttatcttg ccacctggag acggtgattt tgggcctatt gaagacacct gctcagtatg 420
acgcttctga gctaaaagct tccatgaagg ggctgggaac cgacgaggac tctctcattg 480
agatcatctg ctccagaacc aaccaggagc tgcaggaaat taacagagtc tacaaggaaa 540
tgtacaagac tgatctggag aaggacatta tttcggacac atctggtgac ttccgcaagc 600
tgatgggttc cctggcaaag ggtagaagag cacaggatgg ctctgtcatt gattatgaac 660
60 tgattgacca agatgctcgg gatctctatg acgctggagt gaagaggaaa ggaactgatg 720
ttcccaagtg gatcagcatc atgaccgagc ggaggggccc cacctccaga aagtatttga 780
taggtacaag agttacagcc cttatgacat gttggaaagc atcaggaaag aggttaaagg 840
agacctggaa aatgctttcc tgaacctggt tcagtgcatt cagaacaagc cctgtattt 900
65 tgctgatcgg ctgtatgact ccatgaaggg caaggggacg cgagataagg tctgatcag 960
aatcatggct tcccgcagtg aagtggacat gttgaaaatt aggtctgaat tcaagagaaa1020
gtacggcaag tccctgtact attatatcca gcaagacact aagggcgact accagaaagc1080
gctgctgtac ctgtgtggtg gagatgactg aagcccagaca cggcctgagc gtccagaaat1140

```

```

ggtgctcacc atgcttccag ctaacaggtc tagaaaaacca gcttgccgaat aacagtcoccc1200
gtggccatcc ctgtgagggt gacgttagca ttaccccca cctcatttta gttgcctaag1260
cattgcctgg ccttcctgtc tagtctctcc tgtaaagcaa agaaatgaac attccaagga1320
gttggaagtg aagtctatga tgtgaaacac tttgcctcct gtgtactgtg tcataaacag1380
atgaataaac tgaatttgta ctttagaaac acgtactttg tggccctgct ttcaactgaa1440
ttgtttgaaa attaaacgtg cttgggggtc agctgggtgag gctgtccctg taggaagaaa1500
gctctgggac tgagctgtac agtatgggtg cccctatcca agtgtcgcta ttttaagttaa1560
atttaaatga aataaaataa aataaaatca aaaaaa 1596

```

5

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

(A) LÄNGE: 1033 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123:

```

gtcgcagctg accctcgtc cgcgcccgct ctggagtcog acgtggaagt tgctggctga 60
ctgggcttgc gaggaaccg cctcggagct gcagccgaag gcaaggaatc actgaagatc 120
ggcgagggag gacagggggg tcatcatggg tggctttttc tcaagtatat tttccagtct 180
gttttgaaact cgggaaatga gaattttaat tttgggatta gatggagcag gaaaaaccac 240
aattttgtac agattacaag tgggagaagt tgttactact atacctacca ttggatttaa 300
tgtagagacg gtgacgtaca aaaaccttaa attccaagtc tgggatttag gaggacagac 360
aagtatcagg ccatactgga gatgttacta ttcaaacaca gatgcagtca tttatgtagt 420
agacagttgt gaccgagacc gaattggcat ttccaaatca gagttagttg ccatgttgga 480
ggaagaagag ctgagaaaag ccattttagt ggtgtttgca aataaacagg acatggaaca 540
ggccatgact tcctcagaga tggcaaattc acttgggtta cctgccttga aggaccgaaa 600
atggcagata ttcaaaacgt cagcaaccaa aggcaccggc cttgatgagg caatggaatg 660
gttagttgaa acattaaaaa gcagacagta attcagtcca ttcttctccc ctgaaatgaa 720
gactacatca cctctctccc tttggaacaa gtcaagtgtta cttcacacta ctagatgtta 780
aaactatatg attattggca tatactgact gactgcaata tttgtagtaa atagggaaaa 840
taagtattta gttggaggga taatttgatc gaatcacctg aatgttctat gtaatgtaaa 900
atattctttt cttgctttct tgtgttaagg tatatatctt atttgtatgg aattottatt 960
caaatacagt tctattaaag agtatactcc tattggatga aaaaaaccta aaaaaaaaaa1020
aaaaaaaaaa aaa 1033

```

45

50

55

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- 5 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 1:

ICLLLVHFEVSR AKTVNLTFSY WWVITENKDL FSCSLLKSHK NNQIGSCLLS CVSWFLTCVH60
TPVCL 65

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- 30 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 125:

50 ISVFRLFKYL THFQTCTMFY KPLDFQOHTI ENTCYSKHNH SVSSIADVVRD NIAISGMLQA60
FKIA 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- 55 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 126:

KANLLPATPE GTQIWVGPVF QLGKRMGKPG DGFHKFSSGL WHSFQEIPLG KGLLANMHFQ60
T 61

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 127:

LKNTNEVKAL NWTTLFTPIF QVWKCIFASR PLPRGISWKE CHNPLENLWK PSPGFPIRLP60
SWKTGPTHIW VPSGVAGRRF AF 82

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

40

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

60

HTWDPYPLGI SPRTIRPVCQ PKVAFGMLNF PLSKKVHLPN EVTIRLNPCK SLDFVIFYKNS60
TFPIKSLVIK ISTLPKCDST AWFLANKNPI 90

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129:

MVADYGCTIL ILGPFTHRNH TKWPDYFTE QFKYYTLAKS TYSTHPGEGG EKTHTYKTTTS60
LDTMCLPTIS SLNNFHQLRC LV 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130:

RNLVTQMKSG IEDPWTQVN ADYSLAFPLY LCKEGYTELI LFQAYNFKFY HLNSSTFAAE60
EWNQKNVVSU 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

AIQCEAYFIA TLVDCQGDSA TVLDKLMFPF SLAANRRATY SAGSRARSWG SRGYTSSLI160

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60
SLVSQDYVNG TDQEEIRTCV DQCIQKFLDI ARQTECFFLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120
LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180
T 181

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

40

(A) LÄNGE: 423 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

60

LSEDEIRTLK QKKIDETSEQ EQKHKETNNS NAQNPSEEEG EGQDEDILPL TLEEKENKEY 60
LKSLFEILIL MGKQNIPLDG HEADEIPEGL FTPDNFQALL ECRINSGEV LRKRFETTAV120
NTLFCSKTQQ RQMLEICESC IREETLREVR DSHFFSIITD DVVDIAGEEH LPVLVRFVDE180
SHNLREEFIG FLPEYADAEI LAVKFHTMIT EKWGLNMEYC RQYAYIVSSG FSSKMKVVAS240
RLLEKYPQAI YTLCSSEALN MWLAKSVPM GVSVALGTIE EVCSEFFHRSP QLLLELDNVI300
AVLFQNSKER GKELKEICHS QWTGRHDAFE ILVELLQALV LCLDGINSMT NIRWNNYIAG360
RAFVLCSAVS DFDFTIVTIV LKNVLSFTRA FGKNLQGQTS DVFFAAGSLT AVLHSLNEVS420
GKY 423

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

VENIEVYHEF WFEEATNLAT KLDIQMKLPG KFRRAHQGNL ESQLTSESYY KETLSVPTVE 60
 HIIQELKDIF SEQHLKALKC LSLVPSVMGQ LKFNTSEEH ADMYRSDLPN PDTLSAELHC120
 WRIKWKHRGK DIPLSTIYE ALHLPDIKFF PNVYALLKVL CILPVMKVEN ERYENGRKRL180
 KAYLRNTLTD QRSSNLALLN INFDIKHDL DMVDTYIKLY TSKSELPTDN SETVENT 237

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

RIRINGSLCP QTKNNLYFHI VELSIGASV GERWYGMGES ILPARGESQG LLCLYFYKEI60
 LPLFLVNKLR GTDVGLEQGL SGGECSWTA 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

EEERAKREEL ERILEENNRK IAEAQAKLAE EQLRIVEEQR KIHEERMKLE QERQRQOKEE60
QKIILGKGKS RPKLSFSLKT QD 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

SALKVEYLLS CPVSCRVCSS AAIRASFLFK MICTVSLAIP ASAAQPFICK QHTRKAELRN60
ADVYGKKEQK M 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:

SSAQRKYFNL PVEILVMERC QTVLNGRTSK SEATVPTRG LLYCSTFSAL YFLAEASPWS60
AMYKLG 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

RAEKVEQYKS PRVVGTVASL LLVLPFKTVW HLSMTRISTG RLKYFLCAE 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

SCERRGFIMA DDLKRFLYKK LPSVEGLHAI VVSDRDGVPV IKVANDNAPE HALRPGFLST 60
FALATDQGSK LGLSKNKSII CYYNTYQVVQ FNRLPLVVSF IASSSANTGL IVSLEKELAP120
LFEELRQVVE VS 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

20

QMILLFLESP SLLPWSVARA KVDKKPGRKA CSGALSFATL ITGTPSLSDT TMAWSPSTLG 60
NFLYKNRFRS SAMMNPLLSQ DQSPRLGFLG CLVLSAVTSG TALKTGSSSS HRHMIHDLVC120
APGSTF 126

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

45

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60
EEPEPLSPEL EYIPRKRGN PMKAVGLAWA IGFP CGILLF ILTKREVDKD RVKQMKARQN120
MRLSNTGEYE SQRFRASSQS APSPDVGS GV QT 152

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

10 EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFTICFTRS LSTSRLVRMK 60
RRIPQGGKMA QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGDRSGSSSL PSGELWLCRA RVLL 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

15 (A) LÄNGE: 267 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

35 EDEVEEESTA LQKTDKKEIL KKSEKDTNSK VKPKGKVRWT GSRTGRWKY SSNDESESG 60
SEKSSAASEE EEEKESEAI LADDDEPCKK CGLPNHPELI LLCDSKDSGY HTACLRPPLM120
IIPDGEWFCP PCQHKLLCEK LEEQLQDLVD ALKKKERAER RKERLVYVGI SIENIIPPQE180
PDFSEDQEEK KKDSKSKAN LLERRSTRTR KCISYRFDEF DEAIIDEAIED DIKEADGGGV240
40 GRGKDISTIT GHRGKDISTI LDEKIIT 267

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

45 (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:
60 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

65 SSEKSGSCGG MMFSILIPTY TKRSFLRSAR SFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60
SPSGMIIRGG RRQAVWYPLS QESHRRISG WFGRPHFLHG SSSSARMAS LSFSSSSSEA120
ADDFSLPDPS LSSLLEYFHL PRVREPVRT LPLGFTLEFV SFSDFFKISF LSVFCKAVDS180
SSTSS 185

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

SGGFQSHSIL IYQTLQVILM YSNFETISRK ELLPLVWRYK RLTSYIKELP FPELLMESS 59

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

NTSKSLGGFG KSECCDFENL HSREEDSSEV LAPASRKGD QESTYYMKHM PGTDGLDPSW60
GYARA 65

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

55

- (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

KRQPTSAMKD PSRSSTSPSI INEDVIINGH SHEDDNPF AE YWMENEEEF NRQIEEELWE 60
EEFIERCFQE MLEEEEEHEW FIPARDLPQT MDQIQDQFND LVISDGSSLE DLVVKSNLNP120
NAKEFVPGVK YGNI 134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

HSDKRAFTIK SSNTAFTVWK LCYIHQKRAP STQIFPYFTP GTNSFAFGFR LLLTTRSSRE 60
EPSLITRSLN WSWIWSIVCG RSRAGINHSC SSSSSSISWK QRSINSSSHN SSSICLLNSS120
SFSIHMYSAN GLSSS 135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

LVSGANQCGS CNSKSFLTKA WYYRVGFRFF RGGLDFDFFF FFYVIFGKTH SELYLVST 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren 5

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

FFVLKSLLVG ACYWEQVFVQ KLQSESLCIT ETLFITSLLS LPQKTVGLNK IICILIIYLKC60 25
 L 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren 30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

SACKFLRDLP LLTVDQLMYT CIIKALNKSL WLITAKMGTR HLLCVLVTAV ALRAVRPCLI60 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren 55

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

KRDIILNVFS QRSHKRKNQ NQINHHEKNE TPHGNTKLWL GSSYYYSSHI GWRRKP 56

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

LIGVLSMLKI YTGQLQEITG EKLVSPPNKD FSVGFCLSWN LKETNGQSFE WEKARCLLPH60
LRCPFYIPLV GAHILPRLFS RYVGWNTS 88

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

IPVHRLHGRA DPLGWSIVSD LITSGLGAGV LRGLPARRLH SLGRRVLGRP GVLRLGLHG 60
RRDALGAWSA AQRPRTPGRP ACVCAPRRGP ESPSADPVPP PGRAGDPSP DASASGPRGG120
AATKAGPAHD PGQLRPELRV LPPPPRGDRE 150

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

LPVAAAGGRGQ DAQLRPELSG VVSRPRLGGG APSRSRGRRI GVARVSSPAG RRDRVCGGGL60
 GASAGRAHAG GAARGAGPLR G 81

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

30

- (A) LÄNGE: 214 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

50

PGSQSVTPPM AEPLQPDPGA AEDAAAQAVE TPGWKAPEDA GPQPGSYEIR HYGPAKWVST 60
 SVESMDWDSA IQTGFTKLNS YIQGKNEKEM KIKMTAPVTS YVEPGSGPFS ESTITISLYI120
 PSEQQFDPPR PLESDVFIED RAEMTVFVRS FDGFSSAQKN QEQLLTLASI LREDGKVFDE180
 KVVYTAGYNS PVKLLNRNNE VWLIQKNEPT KENE 214

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

PNFYRGFIEN LTMCGGLSCL NLFRAVCSVH QMGRSGMGHL RPFRSGLNRM LEPRLDSDTL60
RF 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

IHLPPKKLISF YLRGEVQFSF GSSESKHLIC WVKTPFLAF YVLSHNNSIK QEGKQKTKKK 60
KGKKKNLHGL VSLTKHVGAV CLGGAGYRTC QCLGFSINLA RDIK 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

SLISRKIKQ NTSPARLTCV YIYIKQRATP TSQQLGEISA VHAVVCQFGE ITPWKNWKNL60
LAGKNSFICI KSVLQKNPCG 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

- (A) LÄNGE: 222 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

RRPLFILRDR SRLPPRRLAP KTSMVVGRGR DVLGVAAGEA AAGKMADGKA GDEKPEKSQR 60
AGAAGGPREE AEKPVKTKTV SSSNGGESS RSAEKRSAAE EAADLPTKPT KISKFGFAIG120
SQTTKASAI SIKLGSSKPK ETVPTLAPKT LSVAAAFNED EDSEPEEMPP EAKMRMKNIG180
RDTPTSAGPN SFNKGKHGFS DNQKLWERNI KSHLGNVHDQ DN 222

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

LPMANPNLEI FVGFGVRSAA SSSADRFSA LRELSPPLLE ETVLVFTGFS ASSSGPPAAP 60
ARCDFSGFSS PAFPSAIFPA AASPAATPRT SRPRPTTIEV FGASRRGGSL ERSRRMKRGR120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

PSIDLEAEES QRLLKVVWF SFKLLFLES RIYGYNVCSL FVHKIKPFKK LKKKKKRGEK60
KREKGKGRK RRGE 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

KYLTLPYKLL VPFCIPPSIT LTKGIFYCKE YFILYITSHE FLPLVTIQML PSIIQIAQP60
FYVHNSLL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

5

LFFLFYHTV PLPPKGRVLI HWMTLCQTQM KLMAIPLVFQ IMFGILNGLY HYAVFEETLE60
 KTIHEE 66

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

TRLKGDRGGV HFLKALRRGG LRASLLYLLE KYRLVFLLSI CVRGMVSSVK SFLVGEQLLS 60
 ISEPRFKMSV CKCSFLSTS TFVPISSDSK KVSSYFSLCS ESLAEQNLFM MPEVFCSEQK120
 FDPFLNDLSF FFTRLFSSLV TLRVSPHAPA SEMQTVLSS 159

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(A) LÄNGE: 439 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

60

KSLFLTSSKF PLISFSSPQG LKFRSKSSLA NYLHKNGETS LKPEDFDFTV LSKRGIKSRV 60
 KDCSMAALTS HLQNSNNNSN WNLRTSRKCK KDVFMPPSSS SELQESRGLS NFTSTHLLK120
 EDEGVDDVNF RKVRKPKGKV TILKGPIKK TKKGCRCSCS GFVQSDSKRE SVCNKADAES180
 EPVAQKSQLD RTVCISDAGA CGETLSVTSE ENSLVKKKER SLSSGSNFCS EQKTSGLINK240
 FCSAKDSEHN EKYEDTFLES EEIGTKVEVV ERKEHLHTDI LKRGSEMDNN CSPTRKDFTE300
 DTIPRTQIER RKTSLYFSSK YNKEALSPPR RKAFFKWTPP RSPFNLVQET LFHDPWKLLI360
 ATIFLNRTSG KMAIPVLWKF LEKYPSEAVA RTADWRDVSE LLKPLGLYDL RAKTIVKFSD420
 EYLTKQWKYP IELHGIGAP 439

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- 5 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

25 DCGKVQTQMQ FALTNFLGLI SLCKTPVLSF LPQDRVQSFL KHALRCPHLR HCFVDTLKGV60
HKAKKSDQML RASNLYLTTW TWHWQKSLQH 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- 30 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

50 SDFCQCHVQV VRYKLLALSI WSDFFALWTP LRVSTKQCLR CGHLRACFRK LCTLSCGRKE60
RTGVLHKEIS PRKLVNANCI CVCTLPQSYI VF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- 55 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

ADSHQNYIPW PPACVLLARP WLASLTREKD LQKIRLWDHF VCALGMTFFP TPGKPLGLSE60
TLWLANHMSV LKVERLSNPP IPREFQSVDV I 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

NGGLNAHLAS ASEFDHSGVQ LIEREEEEICI FYEKINIQEK MKLNGEIEIH LLEEKIQFLK60
MKIAEKQRQI CVTQKLLPAK RSLDADLAVL QIQFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

KTEFGAQLGR HPGTSWLAVI SGSHKFVFAS QQSSFSGIGS FLPVDVFQFL HLVSSSLGYL60
FFHKKCIFLL PALSAERHYG QIQRQRLSGH 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

- 5 (A) LÄNGE: 12 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

25 AVRSRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60
SPFHDIPIYA DKVRHPCFWT QSLYSDQLVL HMNFLICLST SA 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- 30 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

50 VKRLCPKTRM PYLICINWNI MKWRYILSFL IFEEHSV LQG EGRGALLGAE AAHSAGVLPP60
PLPQSHQPAR GAD 73

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
60 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRVSG AANTKVRELK HFRFLGLLRS 60
CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGGRQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILFDV120
VVFLEFVYFLP 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

ILKMATNFLN KEDRTLNRRI SHLQGTLPFI LHFVTNLQNS INWVGHPFL AKFLKLNPLV60
RV 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

AVYICILHQOK VLRLYKRALR HLESWCVQRD KYRYFACLMR ARFEEHKNEK DMAKATQLLK 60
EAEFEFWYRQ HPQPYIFPDS PGGTSYERYD CYKVPEWCLD DWPSEKAMY PDYFAKREQW120
KKLRRESWER EVKQLQEETP PGGPLTEALP PARKEGDLPP LWWYIVTRPR ERPM 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

PLVPSFPSAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCAV 60
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120
TPFADVVCNI R 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLLD SWSGVIPFF FSCSCLPFLY60
PPKWRQIHDLD KDTQYLLNSS 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

15

KVLRKCLKGPE EASGQMAGAG PTMLLREENG CCSRRQSSSS AGDS DGERED SAAERARQQL 60
EALLNKTMRI RMTDGR TLVG CFLCTDRDCN VILGSAQEFL KP SDSFSAGE PRVLGLAMVP120
GHHIVSIEVQ RESLTGPPYL 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

20

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

SLKGKRHRGQ RYGGPVRLSL CTSMETMWCP GTMARPSTRG SPAEKESDGL RNSCAEPRMT 60
LQSRVQQRKQ PTSVRPSVMR MRIVLLSSAS SCCRARSAAE SSRSPSESPA LELL 114

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

50

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

5 RLSRLTEPKE DPMAGISTAE HHLDPSTAALP TQLSRSRHSP QVISTDGGET RGCGRQERKA60
 ERRVCKNAKV TFPVGGKQCQ RHWFCCHRQS EHLEL 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- 10 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

30 RRVQHPPFFS QLIRDAAKRT FRITRLQAFS KYLVVYVYLN GSMLPVPSPC PLCQPPVALV 60
 LVSFPSSAKR PWNLNNGGCA LGGSCWWDQS FDKPPAPWWH LSWKDVTPG AQTACGSDTS120
 AFGIFLPQWG R 131

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- 40 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

60 TAPCCRCAP VPSVNPLSLW CWFRSRLQQN DLGTSMGAAL LWEVLVGGTR ALTNLLLLGG 60
 TSPGRTSQLQ VLRLPVAAEP VPLAFSSHNG EGDFGILTNS SLGLSLLPST ASRFSSICAY120
 YLRTVSAP 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- 65 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

DSRVYCFSGN YRKLVLPRKT GAIRNGSNIS KLRKQDVLSF AHLGFLLPF SLFSLRSLFQ60
FPSDLPLVPL ESQRL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

LGDSSEMPLL ALKCPVRLLG TLEPSEILII LGSSPYFQMF SAQHWVLSST TENPEEKGR60
FP 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

PHPSRRLTQG RWVRKSRVAM EKIPVSAFLR LVALSYNLAR DSTVKPGAKK DRKESRAKLR60
QTLRSRWGEQ LIWTQTYEEA LYKSRLATN 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

GNPELPWRKF QCQHSCALWR SPTIWPGIAQ SNLEPKRTGR SLEPNCARPS PEVGVNNSG60
LRRMKKLYIN RD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

- (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

SLGHRPRNGG HSRGCDLGGL HAHSPDPRLO GAGLQQAKNA AYSVSLPPGC VGHLWPHLRL 60
HHRTGREHRA HTLLPLWDPL FHLLLLPAGS CCQSDQARPG EEAPFPVGDG GSGRGLQSP120
GCYRY 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

20

```

RGRDSCPRSP PALRSSPAAL LRAGSSTKFT ANALALGSRM ATTVPDGCRN GLKSKYYRLC 60
DKAEAWGIVL ETVATAGVVT SVAFMLTLPI LVCKVQDSNR RKMLPTQFLF LLGVLGIFGL120
TFAFIIGLDG STGPTRFFLF GILFSICFSC LLAHAVSLTK LVRGRKPLSR LVILGLAVGF180
SLVQDVIAIE YIVLTMNRTK                                     200

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

30

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

50

```

AEAHGQTQNH QPGKGLPPPD ELGQTDMSMQ QAGEADGKED PKEEEACGPC APVQSDDEGE 60
GEAKDAQHTQ EEEKLSRQHF SPVGVLHLAD EDRESEHEGH RGHNPQCGHR F          111

```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

10 EIIWETDYNH SGTIDAHEMR TALRKAGFTL NSQVQQTIAL RYACSKLGIN FDSFVACMIR60
LETFLFKLFSL LDEDKDGMVQ LSLAEWLCCV LV 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

15 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

35 ESLIAFLFLH DQCAQDSIVL TMIKDVVRIQ WTRNECKGGL EQRRGCPEGK ESYQILLNLQ60
PERLEFHRPQ SAPFHCSRHI K 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

40 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
45 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
55 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

60 KTTIHGPCQN HLPPPHCFLK RPGTLSKGDP IDSSQEGFRA SIRAWPVLAP LLSEQQGFQG60
SGWHESLSLP SCSFMTNVPR TQ 82

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

RPPPSRSSL AGQNTQHSH SARES

25

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

TMPSLSSRR LNSLKRVSR IIQATKLSKL MPSLLHAYRR AMVCCTWLLR VKPAFLRAVL60
ISWASMVPEW L 71

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

10 IRRNTSRISV HTWRRTPPYD SPACFSCSIV SLEGSGFFSC VSVFFSFDLS NFSISAIISGL60
SDMVAEEKQS EAHEYERQFL ASRRSG 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

15 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

35 HPFSTFPTLP PQAGKFDATL LASQCILGGA RLLTIRLLAS PVQSFLWKAV DFSLASLSSS 60
VSTYRISRSQ PYRVCQTWLR RKSKARTST SDSSRLAAV A 101

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

(A) LÄNGE: 10 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
45 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

TPFPPSQLYP LKQVNSTQHF SHLSAYLAAH ASLRFACLLL LFNRRFFGRQW IFLRLCLLQ 60
FRLIEFLDLS HIGFVRHGCG GKAKRGARVR ATVPRVSPQW 100

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

GLTDQYLELN ALQEELGPFG LVILGFPSNQ FGKQEPGENS EILPSLKYVR PGGGFVFNFQ 60
 LFEKGDVNGE KEQKFYTFLL NSCPPTAELL GSPGRLEWEP MKIHDIRWNF EKFLVGPDGI120
 PVMRWYHRTT VSNVKMDILS YMRRQAALSA RGK 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

(A) LÄNGE: 249 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

LMPPPPYPYPL PIMQGPRRGS SGRKPHSQSF YPHPRFSFLL HKRQAWHNCV SEPLWTRDNC 60
 PSVCMATQPR ICLLETQGWS ICVYGLAQHP HIFFSFLFQM SPKETQVLGP MVLLKPEHHS120
 WGQHLPHAHT THHQPPSSFL KDPPEPPSPS HSAPETSQDN CERDGRVPQV RGGVSMKEGP180
 EALVGGPPLS PSVVPALSAF RLRLPGRDIT PAPLEDMLSS HSVHWYLNTP ICPVKVFLQQ240
 KKKRKKKKK 249

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

15

AGLSAPPPAP LLCRAQAPLA LGPNFSYRHG VRPGSSPGAH LPEARCGGGP RGRSQAQSPQ 60
SSGPVGGRRR SGSKARTPQL FRLQQQLQRF GHGCEVPRCW LQAAREHPGQ GQEAQSEEEG120
EGQEGEGQEE GGSPLKGPQ GSLNLPCLLR VPTTWS 156

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

45

DPTSLTAMEF DLGAALPTS QKPGVGAGHG GPKLSPHKV QGRSEAGAGP GPKQGHSSS 60
DSSSSSDSD TDVKSHAAGS KQHESIPGKA KKPVKKKKEK GKKEGKKKE APH 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

50

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

GGPPPPKHLS SRWLVLVGRE EGLMSPVQGP SVGSLLLLLAL LLLALLLLLH FGLLGLARDA 60
 LVLLGASSVG LHIRVRIAGA AAGVGRAVVS LLWTRTCPCL RPALNFVGTE LGISPVARPH120
 TGLLGGLQG CSQVELHGGK RSWVLRPRAP GPCRGAEQGE ER 162

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

VEPWTCRAA GAVMADYWKS QPKKFCDYCK CWIADNRPSV EFHERGKNHK ENVAKRISEI 60
 KQKSLDKAKE EEKASKEFAA MEAAALKAYQ EDLKRLGLES EILEPSITPV TSTIPPTSTS120
 NQQKEKKEKK KKRSFKGQMG RRHNL 145

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

35

- (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

55

PALSHLPRHQ INRKKRKRRR KKDPSKGRWV EGITSEGYHY YYDLISGASQ WEKPEGFQGD 60
 LKKTAVKTVW VEGLEDGFT YYNTETGES RWEKPDFIP HTSDLPSSKV NENSLGTLDE120
 SKSSDSHSDS DGEQAEAEAG VSTETPKPI KFKEKNKNSD GGSDPETQKE KSIQKQNSLG180
 SNEEKSKTLK KSNPYGEWQE IKQEVESHEE VDLELPSTEN EYVSTSEADG GGEPKVVFKKE240
 KTVTSLGVMA DGVAPVFKKR RT 262

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

65

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

GKGRRKGIKG VCCNGGSCPE SIPRGFEKTW LRVNFGAKH NTSNQHYPTY LDIKSTERKE60
 REEEKKILQR ADG 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

IWNFQALKMS MYQLQKLMVA ENPKWYLKKK QSLLELWQM EWPQSSKREE LENGKILGKF60
 KGNEVMIQ 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

PHPSRRLTQG RWVRKSRVAM EKIPVSAFLL LVALSYTLAR DTTVKPGAKK DTKDSRPKLP 60
QTLRSGWGDQ LIWTQTYEEA LYKSKTSNKP LMIIHHLDEC PHSQALKKVF AENKEIQKLA120
EQFVLLNLVY ETTDKHLSPD GQYVPRIMFV DPSLTVRADI TGRYSNRLYA YEPADTALLL180
DNMKKALKLL KTEL 194

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

15

(A) LÄNGE: 194 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

35

SVHCFREDKM KFTIVFAGLL GVFLAPALAN YNINVNDDNN NAGSGQQSVS VNNEHNVANV 60
DNNNGWDSWN SIWDYNGGFA ATRLFQKKTC IVHKMNKEVM PSIQSLDALV KEKKLQKGKGP120
GGPPPKGLMY SVNPNKVDDL SKFGKNIANM CRGIPTYMAE EMQEASLFFY SGTCTTTSVL180
WIVDISFCGD TVEN 194

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

45

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

65

VHQALGRWSS WSLTLKLLFL DQCIKGLNGG HDFLVHFVHN ACLLLKESGC SKAISIIIPDG60
IPGVPSVVIV NIGHIVFIVD TH 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

- 5 (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

25 ELGLNHLWLR VWLEPTAQVP DVLFPFEMER EEKAVSLLW FNVKEPQLPP LPGREAFGFL 60
LLLLALVAGE VLQDHRLLAQ LVLAGLRAHA GRLRFRKALT KASARCAPEG WTSESFASF 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

- 30 (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

IICGCVSGLS PLHRSLMYCF QSSWRGRKRL YLCCSGLMSK SRSSLLCLAE KPLAFFFFSL 60
RLWRVKYSRT TALRCSWSSR ACGLMRGVCA SGRPSRRPRP AVLLKAGHRS HSPLSETMHG120
RSHSSFSDRF RRLMT 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- 60 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

TLETVHQGPV QWAQARHAAT DDSGQALKGR SSRGYYFSDK IQMPLLCGY RNPSTGNKAH 60
FQNYHQRRPP ESYQAKLRV HCGNRWLYFL HLREQIPASV K 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

(A) LÄNGE: 204 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

LRCPAFRSTA GRGLREGLPE AQTPRMSPQA REDQLQKAV VLEYFTRHKKR KEKKKKKAKGF 60
SARQRRELRL FDIKPEQQRY SLFLPLHELW KQYIRDLC SG LKPDTPQMI QAKLLKADLH120
GAIISVTKSK CPSYVGITGI LLQETKHIFK IITKEDRLKV IPKLNCVFTV ETDGFISYIY180
GSKFQLRSSE RSARKFKAKG TIDL 204

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 645 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

PTRPVAAGSE QQQQSAFIQE RQPVALMRLI SFNVPHIKNS TGEPIWKVLI YDRFGQDIIS 60
 PLLSVKELRD MGITLHLLH SDRDPIPDVP AVYFVMPTEE NIDRMCQDLR NQLYESYYLN120
 FISAISRSL EDIANAALAA SAVTQVAKVF DQYLNFILE DDMFVLCNQN KELVSYRAIN180
 5 RPDITDTEME TVMDTIVDSL FCFFVTLGAV PIIRCSRGTA AEMVAVKLDK KLRENLRDAR240
 NSLFTGDTLG AGQFSFQRPL LVLVDRNIDL ATPLHHTWTY QALVHVDLDF HLNVRNLEES300
 SGVENSPAGA RPKRKNKKS Y DLTPVDKFWQ KHKGSPFPEV AESVQQELES YRAQEDEVKR360
 LKSIMGLEGE DEGAISMLSD NTAKLTSAVS SLPELLEKKR LIDLHTNVAT AVLEHIKARK420
 10 LDVYFEYEEK IMSKTTLDKS LLDIISDPDA GTPEDKMRLF LIYYISTQQA PSEADLEQYK480
 KALTDAGCNL NPLQYIKQWK AFTKMASAPA SYGSTTTKPM GLLSRVMNTG SQFVMEGVKN540
 LVLKQQNLFPV TRILDNLMEM KSNPETDDYR YFDPKMLRGN DSSVPRNKNP FQEAIFFVVG600
 GGNIEYQNL VDYIKGKQK HILYGCSELF NATQFIKQLS QLGQK 645

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

GAGPSQLRLH YPRISMAVRQ WVIALALAA LVVDREVPVA AGKLPFSRMP ICEHMVESPT 60
 40 CSQMSNLVCG TDGLTYTNEC QLCLARIKTK QDIQIMKD GK C 101

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

QLGWIFYFMS YPLHAHHCSP ADTSWLEVLL WDQHLPSFMI WMSCLVFIRA KQSWHSFVYV 60
 SPSVPQTRL D IWEQVG DSTM CSQMGILEKG SFPAATGTSL STTRAAKAR AITHWRTAML120
 65 ILG 123

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

IKAKFNLNAF FFFFLLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLIVRGIQ PEIKPIYKHV60
CSSK 64

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

30

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

50

SFAIPFPWHC TISPIIGQSL GFLGFTMVAT TIRLIDGSNL KKKVMVMDKI SRSREVCYHK60
ITVASTS 67

55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

15

TISSITDSQ LQEVAEQLEI FAALHEVLHI INDRKNLKGG LQEVAEQLEL ERIGPQHQA 60
SDSLTGMAF FKMREMFED HIDDAKYCGH LYGLGSGSSY VQNGTGNAYE EEANKQS 117

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

20

(A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

40

PTCPIQHFM MKLWVPSRSL PNSPNHYRSF LSHTLHIRYN NSLFISNTHL SRRKLRVTNP 60
IYTRKRSINI FYLLIPSCRT RLILWIIYIY RNLKHWSTST VRSHSHSIYR LRPSMRTNII120
LRCHSYKPP ISHPIYWNNP SRMNLRLLS RQSHLDPILR FPLHLTIYYR GPSNRSPPLP180
PRNRIKQPNR IKLRCR 196

45

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

50

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

LPSAIEGPTP VSALLHSSTI VVAGIFLLVR FHPLTTNNNF ILTTILCLGA LTTLFTAICA 60
 LTQNDIKKII AFSTSSQLGL IIVTLGINQP HLAFLHICTH AFFKAILFIC SGSIIHSLAD120
 EQDIRKIGNI TKIIPFTSSC LVIGSLALTG IPFLTGFYSK DLIEAINTC NTNA 174

5

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

10

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

30

FLKTTALIIS VLGFLIALEL NNLTIKLSIN KANPYSSFST LLGFFPSIIH RITPIKSLNL 60
 SLKTSLTLLD LIWLEKTIPK STSTLHTNIT TLTTNQGLI KLYFISFLIN IILIIILYSI120
 NLE 123

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

55

NMLLAEVRIIS MVIRNSVRYL MNRLMFGSEC IYHEENCIID HVTKRATDVN RIEKKSVLKL 60
 ILSSIEFMVT QCQVVIYSI LLWKNINRGK RLIMKENLID VVVYSGKLMC LIRFDIEIRI120
 GDSRRMKIK 129

60

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

65

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

FFFFFFFAIQ MNVYFLNPHR VRAELRDAWH SISHPGSLPR SFFFFAGSILD LYHFLQRQYP60
 EWQSQVYFKV GVFSGSRGDW IPS 83

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

SMMLFKVLVI TVFCGLTVAF PLSELVSINK ELQNSIIDLL NSVFDQLGSY RGTKAPLEDY 60
 TDDDLSTDSE QIMDFTPAAN KQNSEFSTDV ETVSSGFLEE FTENTDITVK IPLAGNPVSP120
 TS 122

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

TSTTVFFFPF HSLPVGCTV CSHALCINIL EIYRSVLYFL YCWILIIKTF TRVLNKSSLT60
RK 62

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

35

ARPCMNSTKA LPHGREHTRL KMSYLKNKM CKSSGWHKTK VNASWGTFRL GLAECVNIID60
FCLCYMTSVT SLKICTIQFQ LWITSVDLCE GFYLCRMGV 99

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

40

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

60

GELQKSSHYH PPELFEMIFF VHFGCSIGGR IYYNMDHLYF CIYLFITRPQ PQSSFSPSTS60
LCL 63

65

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

INKYRSRDDP YYSIFYHQYC SQNVQKKSFQ ITQEDDNGWT FVIHLKDCGR ANSTHCIVCA60
 YGGL 64

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

PLFCAILKTC TFYFSDSLTF LIECVLYHAV MLWYYSYRVL PILKTCHFPK RSFDSALEVL60
 HKLKSLSNIN MKGGTGCNIY SQVTSLYI 88

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

ASTIMDLLFG RRKTPEELLR QNQRALNRAM RELDRERQKL ETQEKKIAD IKKMAKQGQM 60
DAVRIMAKDL VRTRYVRKF VLMRANIQAV SLKIQTLKSN NSMAQAMKGV TKAMGTMNRQ120
LKL PQIQKIM MEFERQAEIM DMKEERIELL HLMIPWVLGK F 161

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

RRVRTKSFAM MRTASIWPCL AIFLMSAMIF FSWVSSFCSR RSSRMARFR ALWFCRSSSS 60
GVFRRPNNRS MMVEAHWQAG AGTDTRFRFR VTLLFLGSPT CPPTKAPRSC RRRRRFRGRV120

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

KLPQNPRDHQ MQQFNPLLLH IHDLCPLPLK HHDLLDLGQL QLSVHGAGHL GDTLHGLCHR 60
VVGLECLDLE GHSLDVGP HQYLAHIAPGA HQVECHDANS IHLALLGHLL NVCNDFLLLG120
L 121

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

- (A) LÄNGE: 180 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

KTKRSVKDAA KKGQKDVCI LAKEMIRSRK AVSKLYASKA HMNSVLMGMK NQLAVLRVAG 60
SLQKSTVMK AMQSLVKIPE IQATMRELSK EMMKAGIIEE MLEDTFESMD DQEEMEEAE120
MEIDRILFEI TAGALGKAPS KVTDALPEPE PPGAMAASED EEEEEEALEA MQSRLATLRS180

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

LMPPQSQNLQ ERWLPQRMRG RKRRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60
ALHLCCEDYH FEGSVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRKKKKK K 111

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

KICERCCQEG PEGCLHSSGQ GDDQVKEGCE QAVCIQSTHE LSAHGDEEPA RGLASGWFFA 60
EEHRSDEGHA KSCEDSRDSG HHEGVVQRND EGWDHRGDVR GHF 103

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

- (A) LÄNGE: 351 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

TWCTTTMLAA RLVCLRTLPS RVFHPAFTKA SPVVKNSITK NQWLLTPSRE YATKTRIGIR 60
RGRGTQELKE AALEPSMEKI FKIDQMGRWF VAGGAAVGLG ALCYYGLGLS NEIGAIEKAV120
IWPQYVKDRI HSTYMYLAGS IGLTALSAIA ISRTPVLMNF MMRGSWVTIG VTFAAMVGAG180
MLVRSIPYDQ SPGPKHLAWL LHSQVMGAVV APLTILGGPL LIRAAWYTAG IVGGLSTVAM240
CAPSEKFLNM GAPLGVLGLL VEVSSLGSMF LPPTTVAGAT LYSVAMYGGL VLFSMFLLYD300
TQKVIKRAEV SPYMGVQKYD PINSMLSIYM DTLNIFMRVA TMLATGGNRK K 351

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

10 RVAPATVVGG RNIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMFRNFSLGA HMATVERPPT MPAVYHAALM 60
RRGPPNIVRG ATTAPITPEC SNQARCFGPG LWSYGIDRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120
MKFMRTGVLL IAMADKAVKP ILPAKYI 147

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

(A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

40 KARRRGTMAA AADERSPEDG EDEEEEEQLV LVELSGIIDS DFLSKCENKC KVLGIDTERP 60
ILQVDSCVFA GEYEDTLGTC VIFEENVEHA DTEGNNKTVL KYKCHTMKKL SMTRTLLTEK120
KEGEENIGGV EWLQIKDNDF SYRPNMICNF LHENEDEEVV ASAPDKSLEL EEEEIQMNHR180
FKPGFVEPGE PIAPWE 196

45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

PPAPALRHRE TRRPVASLHV GTGALGARSH PPAGSRHLEF WQKQFARRGA DGQEPNKLRL 60
 LGAEARTQDG GSGRAWPVTR RRGAGPWRR RRTSGVQRT E KTRKRRSSWF WWNYQELLIQ120
 TSSQNVKINA RFWALTLRGP FCKWTAVSLL GSMKTL 156

5

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

30

RRLEVSYSRQH HFRVSLAPWS KMADEATRRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60
 IRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120
 PELDGKTAKM YR 132

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

35

- (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

55

LFAISYSVLP VHLCCLSIQL RNCNFWGSSR ICDRNVKLDV KLIFQEVMDI PAFSKPPSSF 60
 LVGLQSEPIV VSILVVLHIP DKGLIFLLQS LHPQLTISGS GVSLQHRDLR HNTSRGFIRH120
 LGPGRKRNAE VVLPVAYLKA PSSLLWEDET LGCKTSFE 159

60

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

65

(B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

ATLPDALPPA TKFFLKAFD SLPSPISQSYL YIFAVFPSSS GTAISGAVVG YVIGMSNSMS 60
 NSYFRRSWIY QHFPNHRVPS LLDSSRNQSL SAFLLFSTYR IRD 103

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

(A) LÄNGE: 285 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246

AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60
 SPFHDIPIYA DKDVFHVVVE VPRWSNAKME IATKDPLNPI KQDVKKGKLR YVANLFPYKG120
 YIWNYGAIPO TWEDPGHNDK HTGCCGDNDP IDVCEIGSKV CARGEIIGVK VLGILAMIDE180
 GETDWKVIAI NVDDPDAAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDGK PENEFAFNAE240
 FKDKDFAIDI IKSTHDHWKA LVTKKTNGKR IMLIVQLFVG PLKVC 285:

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

TKGLRIAQAQ LCPGSPRCRS QSISRACAL CLRPSTQPNL TYLRKPGGRK RAVGHKSPAE60
TRVPASVQRS QPPRAHRKSC LASLGLCKNN KCLS 94

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

DPFPSRIQHI SGNPAGASER LAIRAQLKRE YLLQYNDPNR RGLIENPALL RWAYARTINV 60
YPNFRPTPKN SLMGALCGFG PLIFIYYIHK TERDRKEKLI QEGKLDRTFH LSY 113

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

VFRSGSEIRI DIYCSCIGPT KQGRIFDEPS AVGIIVLKQV LSFQLGSYGQ PLACARRVSG60
DMLYSAGSRV SGRVRRLDGL YFGNDILANQ GTIAPARF 98

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

- 5 (A) LÄNGE: 158 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

25 TQVMVQSMFA PTDTSMEAV WKEAKPEDLM DSKLRVCFEL PAENDKPHDV EINKIISTTA 60
 SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKVMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LRMRKTVQSN120
 SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFVIG VIIGKIAL 158

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

55 VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSDAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDTESSL 60
 GREWATWGLL CGADRTPOHA GLQLPKGQHQ QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

60 (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

SKGCSITETV TVDPGSIPL LGLTQYRRGA VVFTLKHTFL SDGFRNLRFV VTTSVKGPLN 60
 LRSVGGSRTR ICSSSPWPLR RTPSERQRRR GGGLLAGGGG RWREGRGSEF ASLLFLVRLC120
 STTFLCWQIC FQIDF 135

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

(A) LÄNGE: 189 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

SMQSAVSFFF FSLDQKKICL PTISLVVWPT VTIFLCVQRH IGFAFNDLLR LENTIKTNCS 60
 ATGQVVYYQI ITSRCQLHIE SFMKFINKEL FFLCGFNKSS RIVQSLVNVI LIPLNFICC120
 CYLLKYDLFR LLIPLIQEMP RGIPWNGAS YSVNFSSTF ANIMAEFFLS LVRQLLTEFF180
 ILTILSHGI 189

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

(A) LÄNGE: 300 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

KSIWKQICQH KNVVEQSLTR KRRDANSLPL PSRHRPPPPA SKPPPALRCL SDGVRLRGHG 60
 EDEQILVLDP PTDLKFKGPF TDVVTNLKL RNPSDRKVCF KVKTTAPRRY CVRPNSGIID120
 PGSTVTVSVM LQPFDDYDNE KSKHKFMVQT IFAPPNTSDM EAVWKEAKPD ELMDSKLRCV180
 FEMPENNDKL NDMEPSKAVP LNASKQDGPM PKPHSVSLND TETRKLMEEC KRLQGEMMKL240
 SEENRHLRDE GLRLRKVAHS DKPGSTSTAS FRDNVTSPLP SLLVVIAAIF IGFFLGKFIL300

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGSGS 60
 HNWTGTVKDEL TESPKEYIQKQ ISYNSDLDQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120
 EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAAHEDSVMD180
 HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240
 EAFPALA 247

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

- (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

FVFDSSPVVR SATSTFVLVL QARSITSTMP IKFTFATRIK SISSAHSTST APSTLFQDHH60
 DLESRAARA 69

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

- (A) LÄNGE: 220 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

PGRGSMYDRM RRGGDGYDGG YGGFDDYGGY NNYGYGNDGF DDRMRDGRGM GGHGYGGAGD 60
 ASSGFHGGHF VHMRLPFRA TENDIANFFS PLNPIRVHID IGADGRATGE ADVEFVTHED120
 AVAAMSKDN NMQHRYIELF LNSTPGGGSG MGGSGMGGYG RDGMDNQGGY GSVGRMGGMN180
 NYSGGYGTPD GLGGYGRGGG GSGGYGQGG MSGGGWRGMY 220

25

30

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID Nos. 1–50, 52–57
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 1–50, 52–57, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 123, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID Nos. 1, 2, 18, 34, 51, 56, 61, 89, 98, 101, 106, dadurch gekennzeichnet, daß sie auch in Testisumorgewebe erhöht exprimiert sind.
5. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID Nos. 27, 32, 42, 46, 60, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, dadurch gekennzeichnet, daß sie auch in Brustumorgewebe erhöht exprimiert sind.
6. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID Nos. 1–50, 52–57, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
11. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
12. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
13. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
14. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
15. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

35

40

45

50

55

60

65

16. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
17. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
18. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
19. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
20. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
21. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
22. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 123 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
23. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
24. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
25. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. ORF 124–257.
26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.
28. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 124 bis 257, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom.
30. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 123 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.
31. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 123 in sense oder antisense Form.
32. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 124 bis Seq. ID No. 257 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Ovarialkarzinom.
33. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 124 bis Seq. ID No. 257, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.
34. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 124 bis Seq. ID No. 257.
35. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
37. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 123.
38. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
39. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist.
40. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

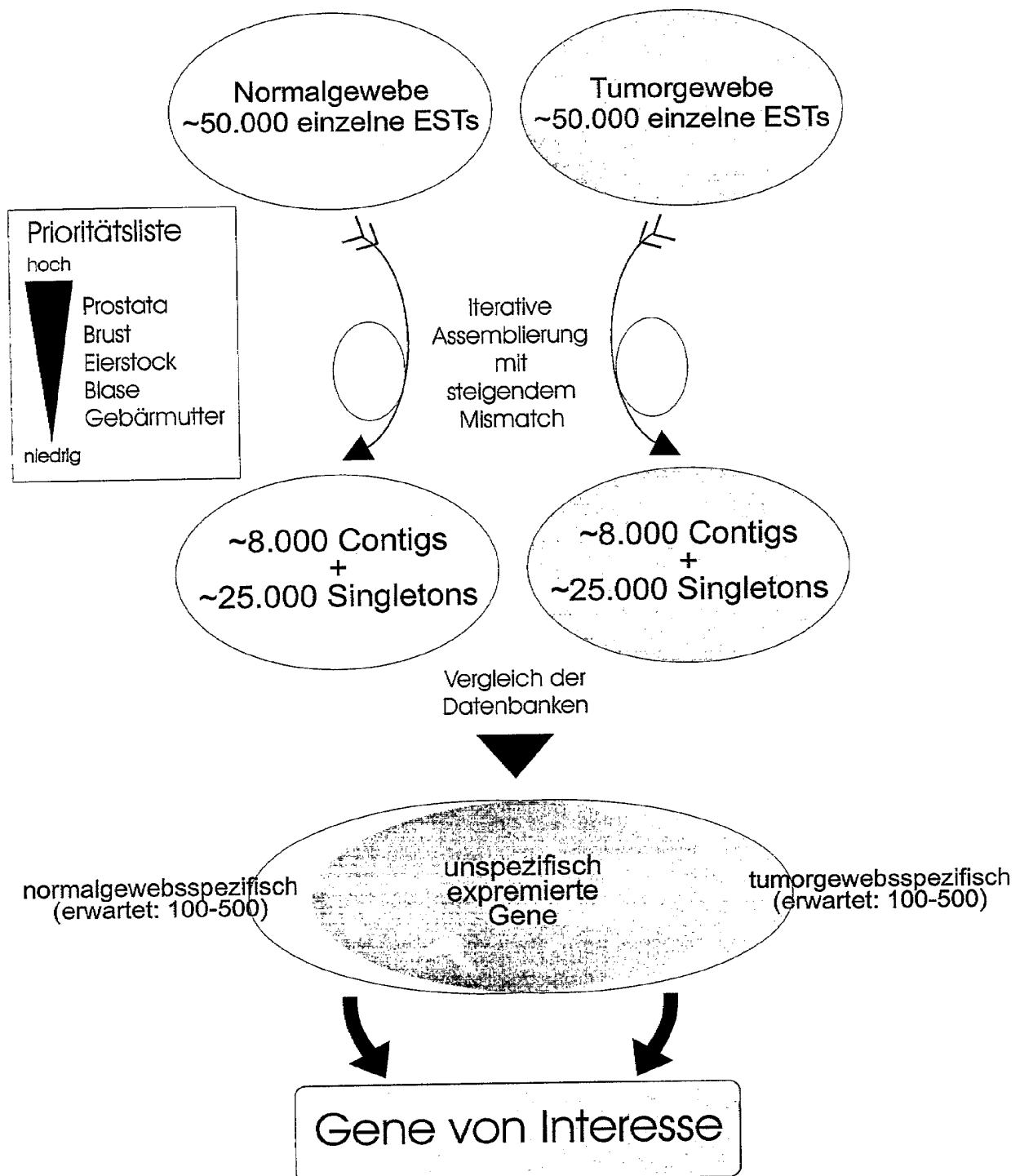


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

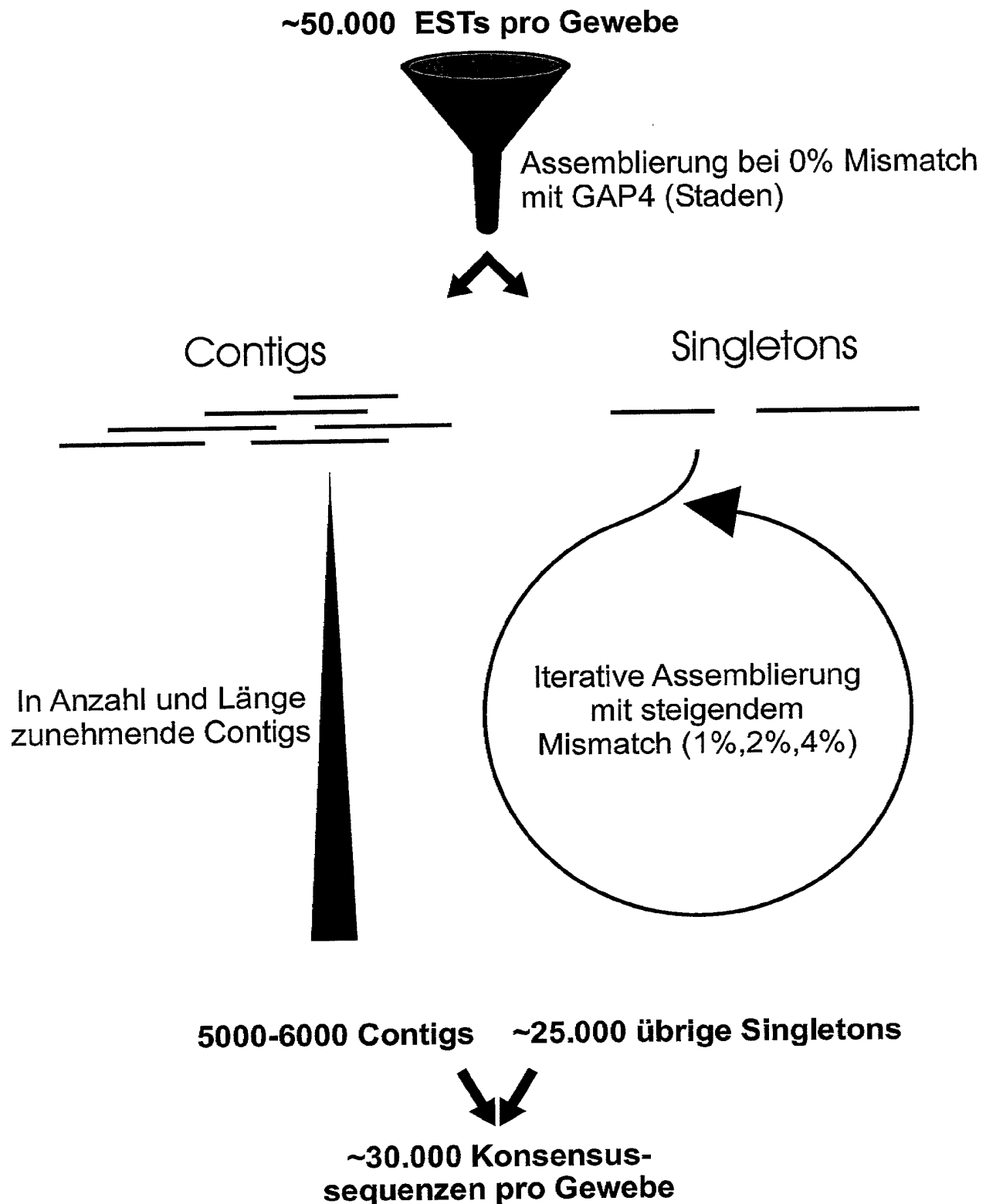


Fig. 2a

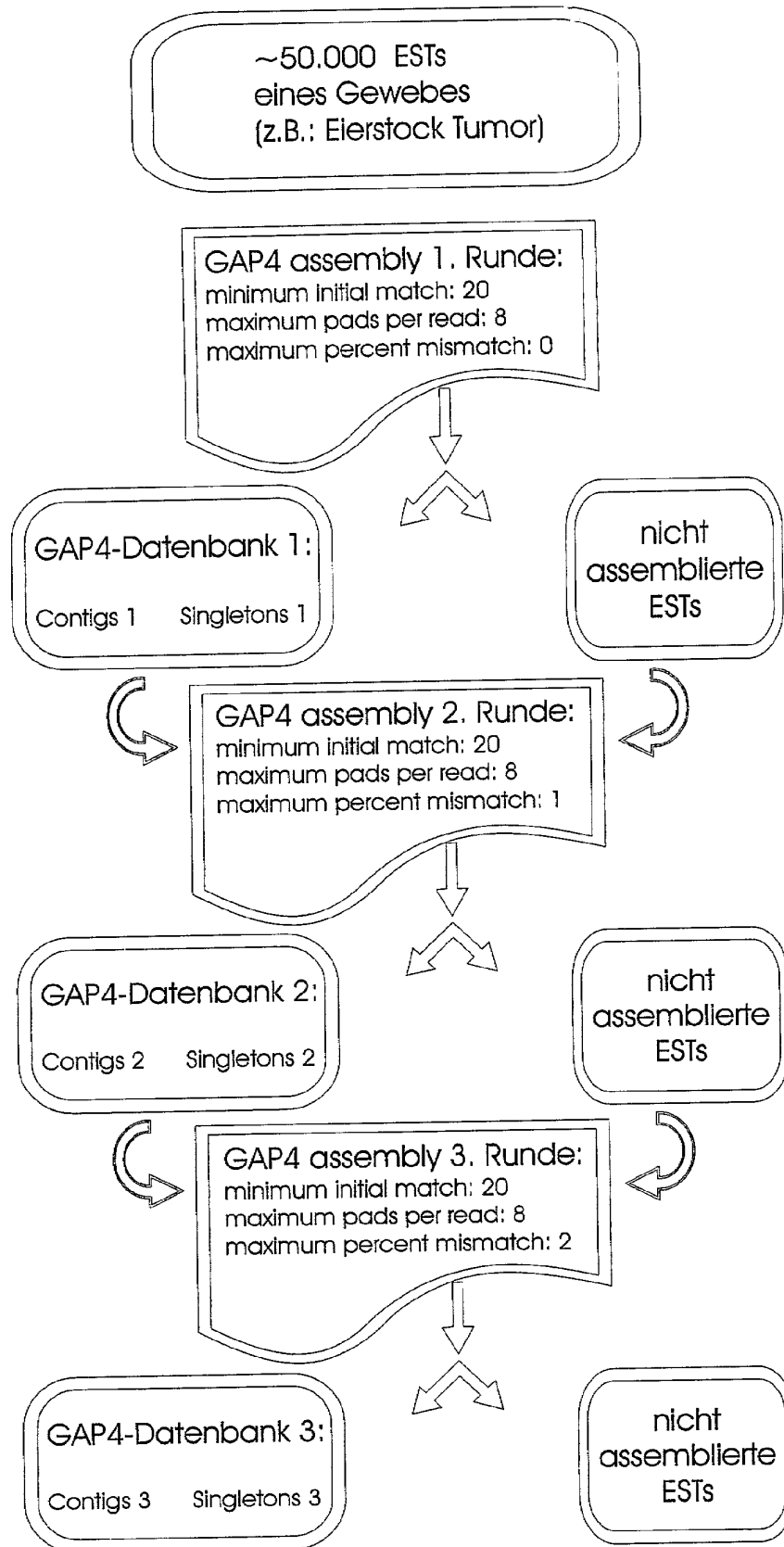


Fig. 2b1

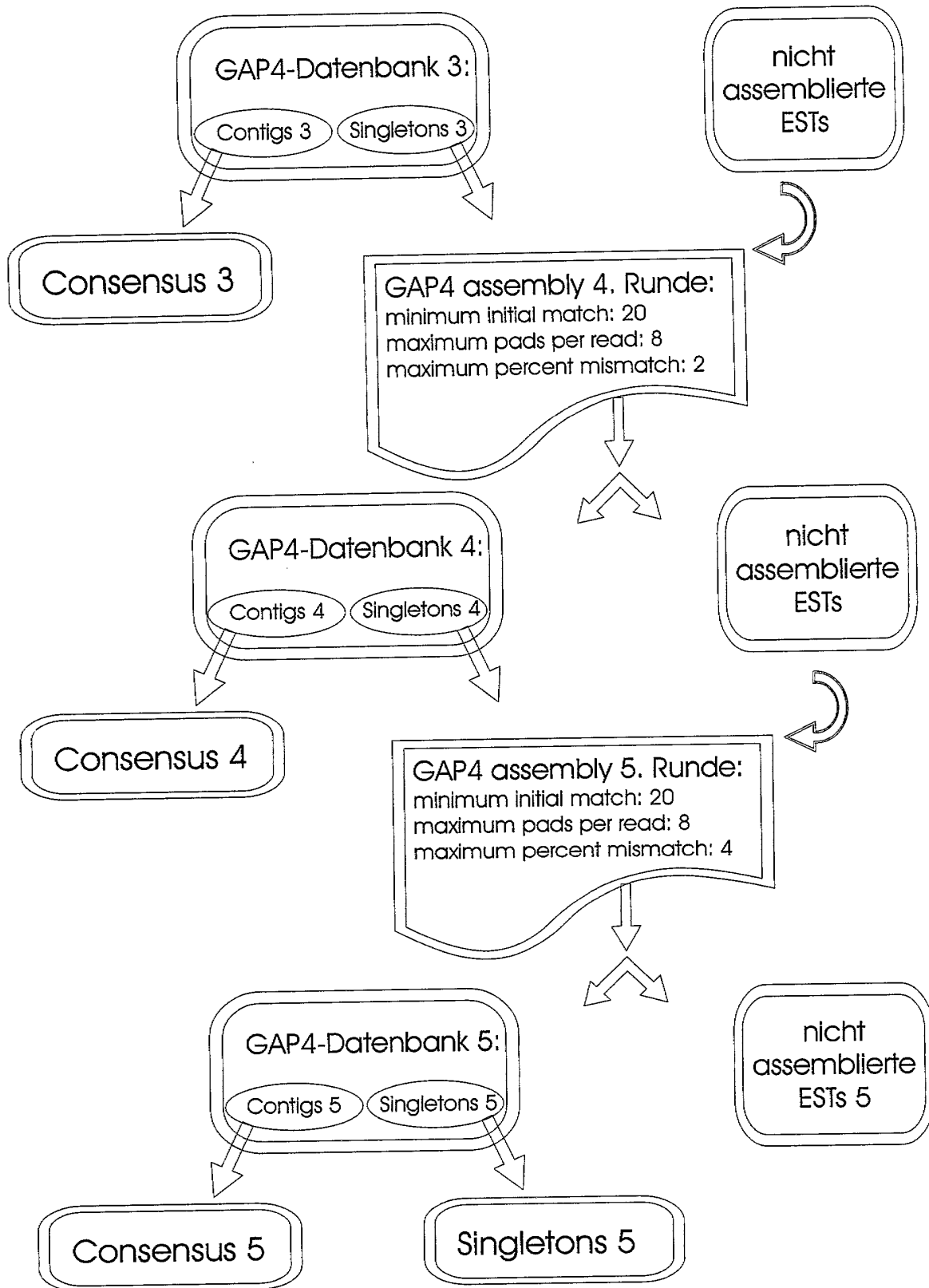


Fig. 2b2

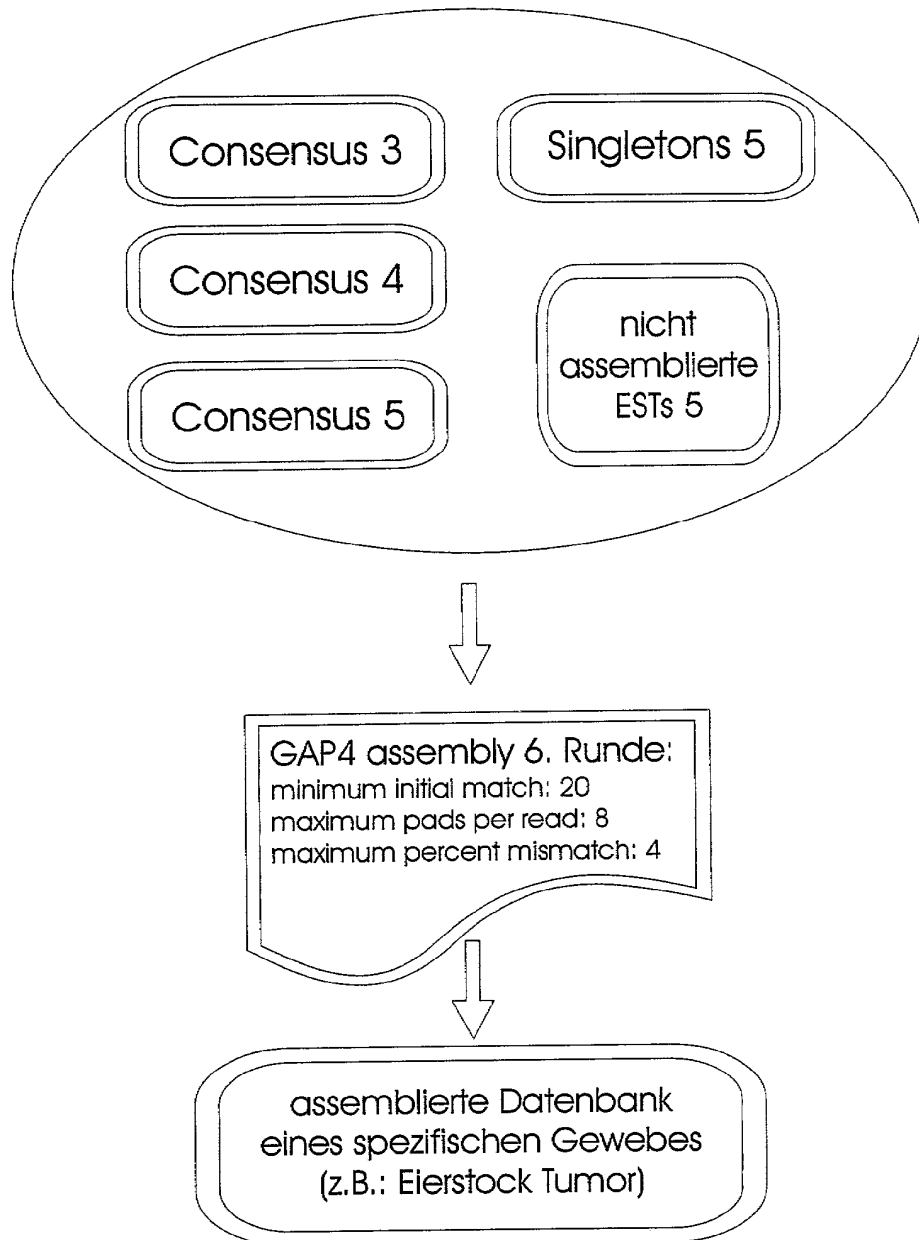


Fig. 2b3

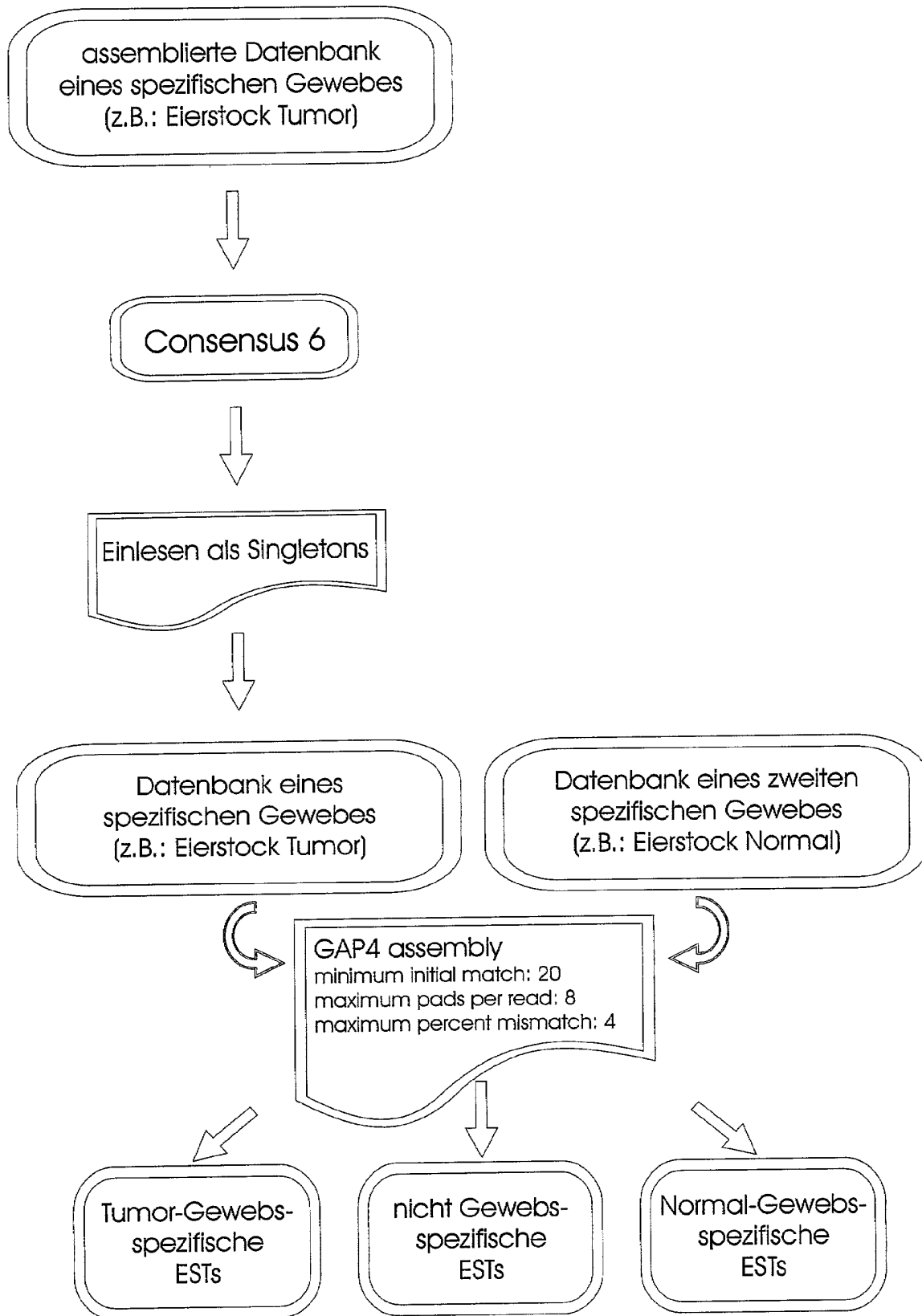


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

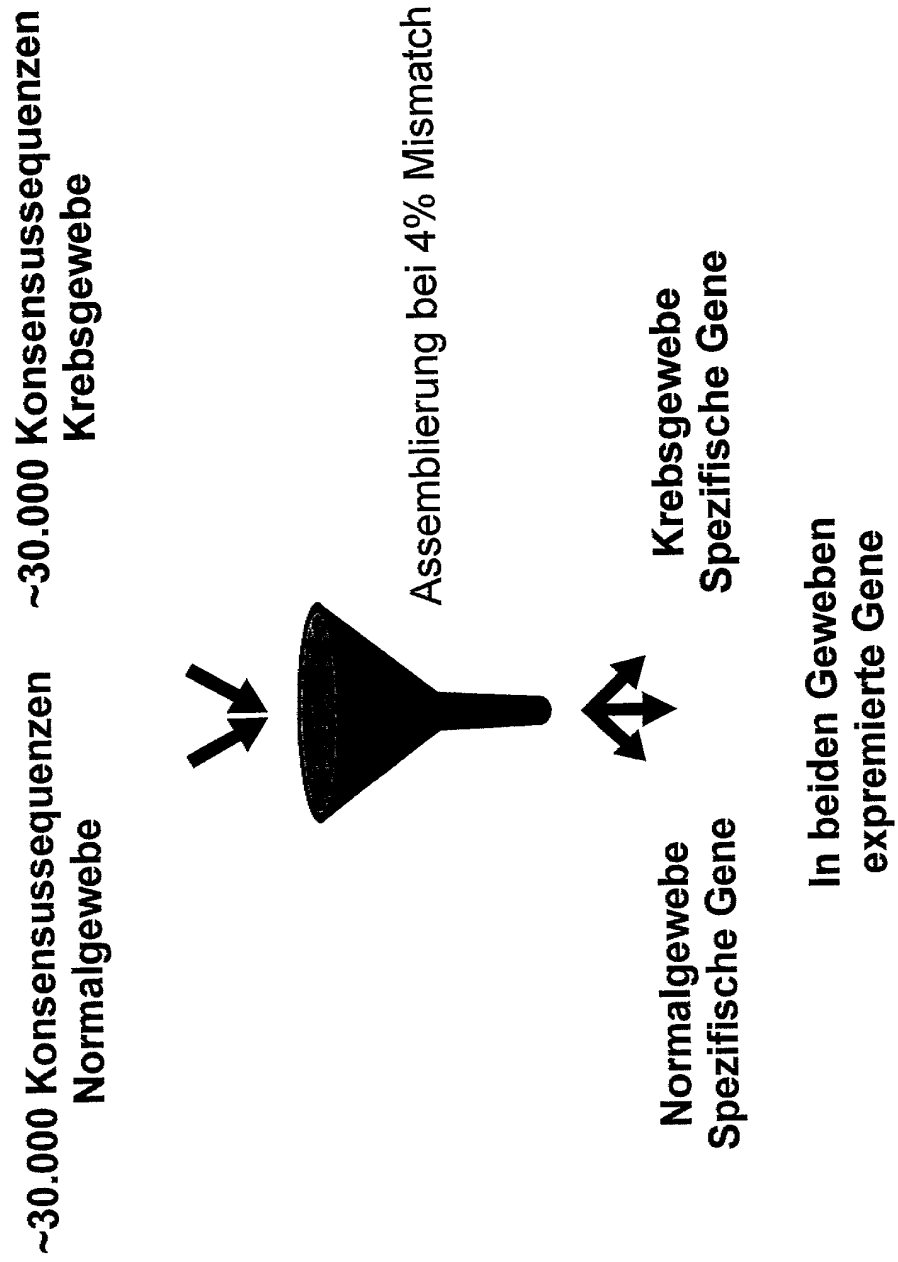


Fig. 3

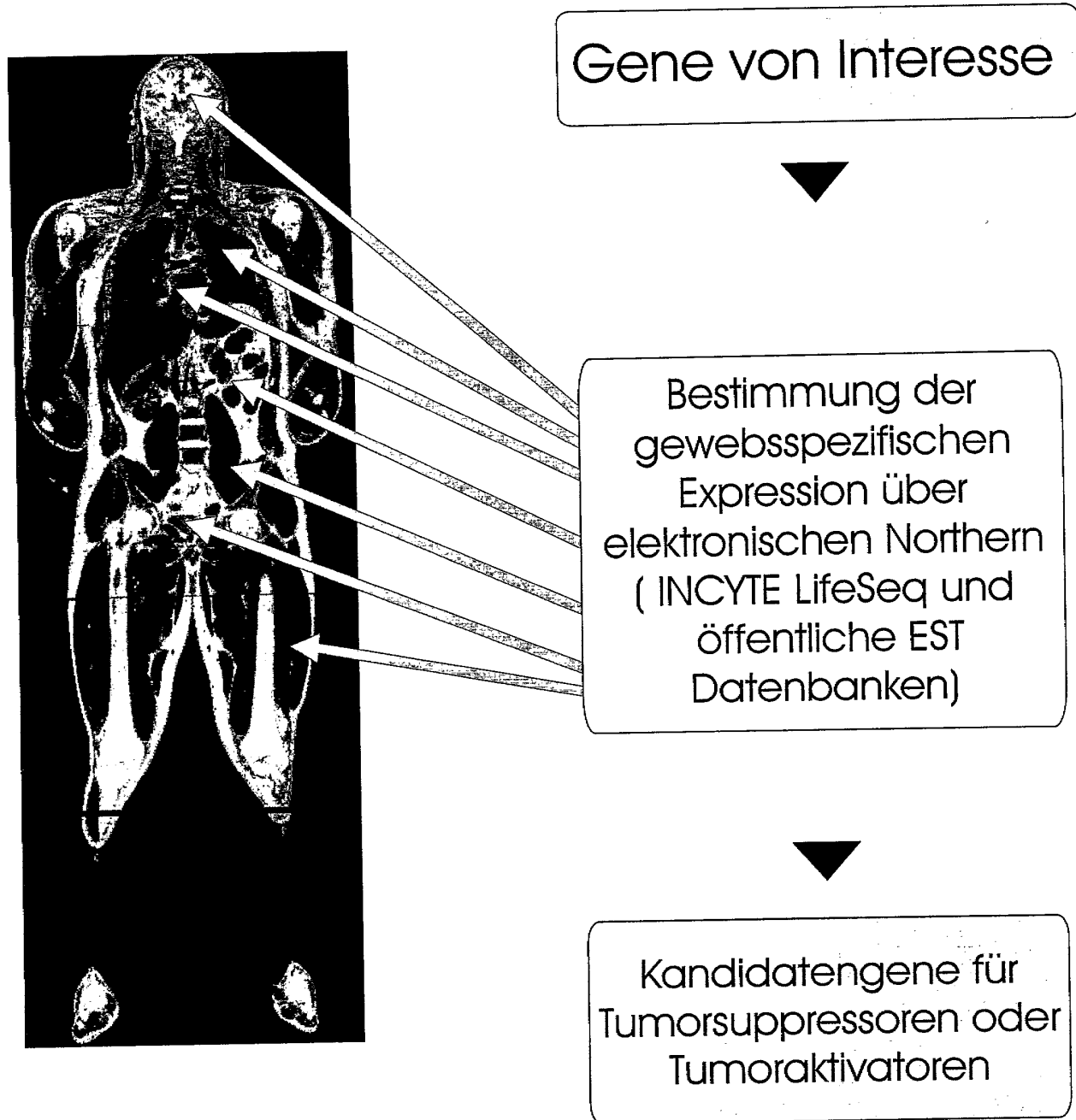


Fig. 4a

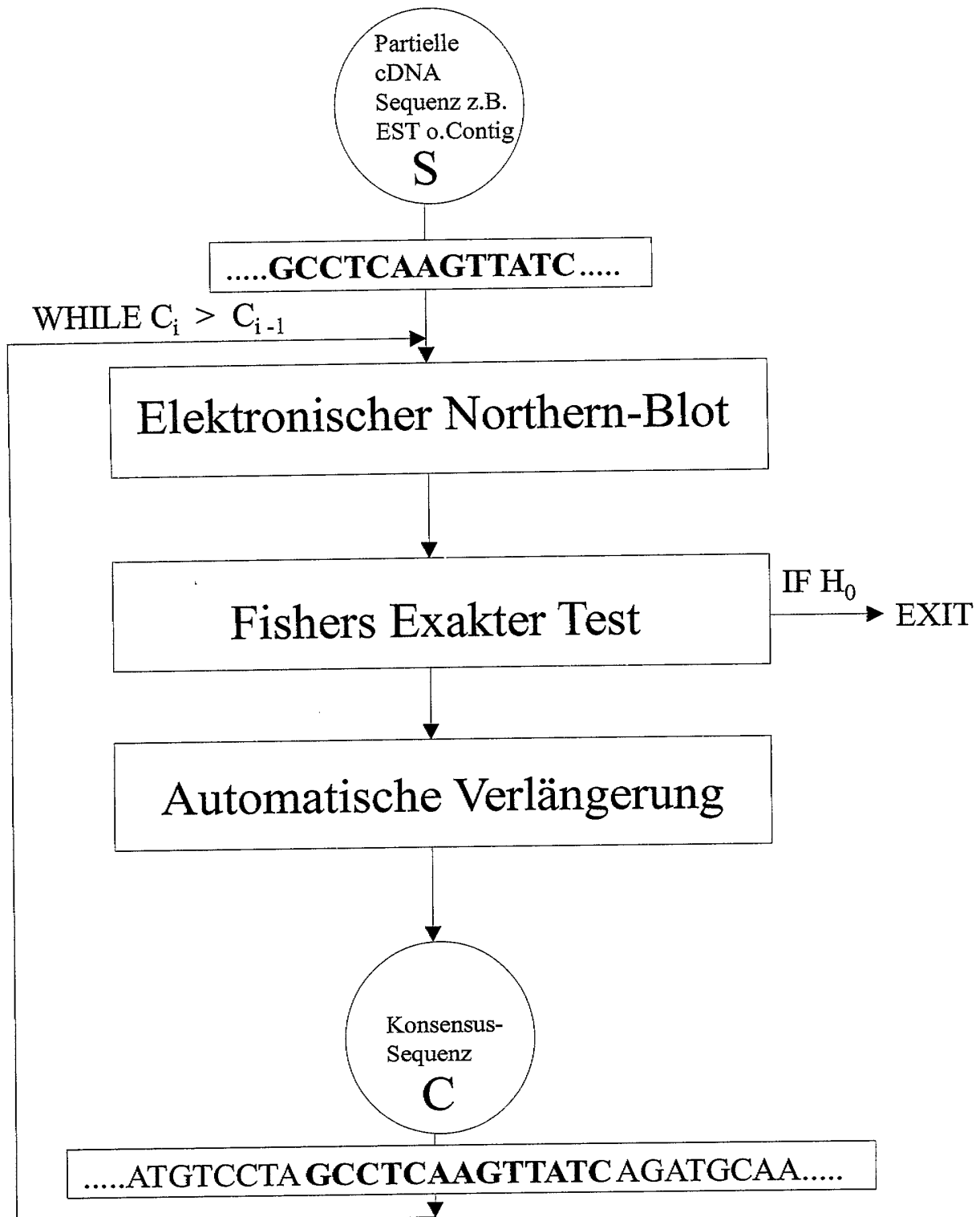


Fig. 4b

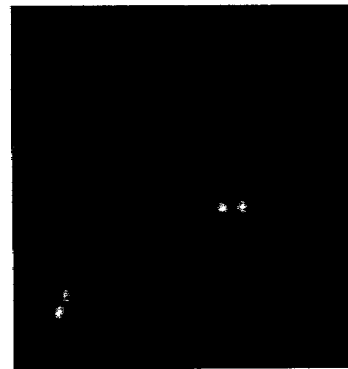
Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5